

München. 1960

**Zum Problem der indirekten
Vaterschaftsausschlüsse
im ABO- und Rh-Blutgruppensystem**

Herbert Welsch

**Zum Problem der indirekten Vaterschafts-
ausschlüsse im ABO- und Rh-Blutgruppen-
system**

Inaugural-Dissertation

zur Erlangung der Doktorwürde in der gesamten Medizin
verfaßt und
einer Hohen Medizinischen Fakultät
der Ludwig-Maximilians-Universität zu München

vorgelegt von
Herbert Welsch
aus
Dachau

München 1960

Gedruckt mit Genehmigung der Medizinischen Fakultät
der Universität München

Referent:	Priv.-Doz. Dr. J. JUNGWIRTH
Correferent:	Professor Dr. W. LAVES
Dekan:	Professor Dr. Dr. H. EYER

Tag der mündlichen Prüfung: 8.11.1960



INHALTSVERZEICHNIS

Einführung:	S. 5
Geschichte der Blutgruppenforschung, genetische Termini	
1. Das A / B / O - System	S. 7
I. Einteilung in Gruppen	S. 7
II. Genetik	S. 7
2. Der R h e s u s - Faktor	S. 10
I. Die Theorien von Wiener und Fisher	S. 10
II. Nomenklatur und neu gefundene Antigene	S. 11
III. Bedeutung für die Klinik	S. 12
IV. Genetik	S. 13
3. Weitere Blutgruppensysteme	S. 15
4. Direkte Vaterschaftsausschlüsse	S. 17
I. Dominanzregel und umgekehrte Homocycotie	S. 17
II. Theoretische Chancen direkter Ausschlüsse im ABO-System und im Rh-System	S. 17
III. Phänotyp-, Genotyp- und Genfrequenz- Berechnungen	S. 20
a. im ABO-System	S. 21
b. im Rh-System	S. 24
IV. Auswertung des vorliegenden Untersuchungs- materials	S. 31
5. Indirekte ABO - Ausschlüsse	S. 34
I. Erläuternde Beispiele	S. 34
II. Chancen der Feststellbarkeit der Genotypen	S. 37
III. Theoretische Ausschlusschancen	S. 39
IV. Auswertung des Untersuchungsmaterials hierzu	S. 41
V. Vergleich zwischen theoretischen und praktischen Ergebnissen	S. 45
VI. Folgerung	S. 46
6. Indirekte Rh - Ausschlüsse	S. 46
I. Grundlagen und erläuternde Beispiele	S. 46
II. Chancen der Genotypenbestimmung	S. 54
III. Auswertung des Untersuchungsmaterials	S. 56
IV. Folgerung	S. 62
V. Nichtvaterschaft des gesetzlichen Vaters eines Probanden	S. 62
7. Indirekte ABO - und Rh - Ausschlüsse	S. 64
8. Direkte und indirekte Vaterschaftsausschlüsse	S. 66
9. Zusammenfassung	S. 69
10. Literaturverzeichnis	S. 72
Lebenslauf	S. 76



Digitized by the Internet Archive
in 2026

https://archive.org/details/IA41555220_0023

Das Jahr 1875 bezeichnet den Beginn der Lehre von den Blutgruppen, denn damals stellte LANDOIS fest, dass beim Mischen roter Blutzellen eines Tieres mit dem Serum eines Tieres einer anderen Gattung gewöhnlich eine Klumpenbildung auftritt, die er als Agglutination bezeichnete. Kurz darauf fand SHATTOCK diese Agglutination auch bei menschlichen Blutzellen; da es jedoch Blute von Patienten waren, glaubte er, dass es sich hier um pathologische Zustände handelte. Einige Zeit später gelang die erste, bewusste Beobachtung einer Agglutination und damit die Entdeckung der ABO - Gruppen bei menschlichen Erythrocyten durch den späteren Nobelpreisträger LANDSTEINER.

Weitere wichtige Erkenntnisse, vor allem auch in genetischer Hinsicht waren die Entdeckung des MN - und des P - Systems 1926 durch LANDSTEINER und LEVINE, sowie des Rh - Systems durch LANDSTEINER und WIENER 1940.

Hatte man schon bald die überragende Rolle der Blutgruppen für die Blutübertragung, die Transfusion erkannt, so war doch die genaue Kenntnis ihrer Vererbung lange Zeit unsicher. OTTENBERG und EPSTEIN hatten schon 1908 eine Vererbung der Blutgruppen im Sinne Mendel's gefordert, zwei Jahre später waren es DUNGERN und HIRSZFELD, die die Mendel'sche Vererbung der Blutgruppen ausser Zweifel stellten; dann allerdings dauerte es noch 14 Jahre, bis BERNSTEIN 1924 die genaue Art der Vererbung feststellen konnte (1). Damit war der Weg offen zur Anwendung der Blutgruppen bei Fällen fraglicher Abstammung.

Die kleinste Vererbungseinheit, die wir kennen, nämlich das Gen, findet sich in linearer Anordnung auf den Genträgern, den Chromosomen. In den Kernen der menschlichen Körperzellen finden sich jeweils konstant 23 Chromosomenpaare, ein diploider Chromosomensatz, also insgesamt 46 Chromosomen. Bei der Reduktionsteilung wird die Anzahl der Chromosomen von den 23 Paaren der Körperzellen auf die 23 Einzelchromosomen der Geschlechtszellen, der Eizellen und der Spermatozoen reduziert (haploider Chromosomensatz). Mit der Befruchtung der weiblichen Keimzelle kommt es wiederum zum normalen diploiden Chromosomensatz.

Gene können in alternativer oder allelomorpher Form auftreten; ein Gen kann verschiedene Allele, verschiedene Erbanlagen enthalten. Ein Individuum ist hinsichtlich eines Gens homozygot, wenn beide Gene gleich, heterozygot, wenn sie verschieden sind. Durch die Zellteilung, die Meiose, können die Gene, die auf den Chromosomen jeweils einen festen Platz, einen "locus" einnehmen, ausgetauscht werden; man nennt diesen, für die Vererbung dann äusserst wichtigen

Vorgang "crossing over". - Die Erbformel oder der Genotyp wird bestimmt durch die Gesamtzahl aller Gene. Beim ABO - System zum Beispiel kann er bei den Blutgruppen "AB" und "OO" direkt erkannt werden im Gegensatz zu den Gruppen "A" und "B", wo zunächst nur das Erscheinungsbild, der Phänotyp bekannt ist, der sich genotypisch in "AA", "AO", "BB" und "BO" differenzieren lässt.

Das A/B/O-System

I.

Durch Versuche hatte LANDSTEINER (2) gefunden, dass jeweils nur 2 Antigene nötig seien, um die 4 Gruppen des ABO - Systems zu erklären: Eine Gruppe mit dem Antigen "A", eine mit dem Antigen "B", eine mit beiden: "AB", schliesslich eine ohne beide: "O". Die Antigene werden auch als Agglutinogene bezeichnet und finden sich an den Erythrocyten, während die Antikörper oder die Agglutinine im Serum auftreten. Durch Versuche wurde gezeigt, dass ein Mensch in seinem Serum niemals den Antikörper für ein an seinen eigenen Erythrocyten vorhandenes Antigen aufweisen kann.

Man fand nun, dass man die Gruppe "A" unterteilen kann in die Untergruppen " A_1 " und " A_2 ". Sie unterscheiden sich der Intensität nach: A_1 ist stärker als A_2 , und der Qualität nach: A_2 kann nicht die Antikörper binden, die A_1 bindet. Ferner gilt auch für A_1 und A_2 , dass sie über O dominieren. Weist also jemand phänotypisch A_1 auf, so kann er genotypisch entweder $A_1 A_1$ oder $A_1 O$ besitzen. Er kann aber auch $A_1 A_2$ aufweisen, ohne dass das rezessiv vorliegende A_2 durch das Anti - A - Serum nachweisbar ist. Fast alle Anti - A - Seren enthalten nämlich zwei Anti - A - Körper: "Alpha" und "Alpha₁". Das Anti-A (= Alpha) vermag die Zellen der Untergruppen A_1 , A_2 , $A_1 B$ und $A_2 B$ zu agglutinieren, während Anti- A_1 (= Alpha₁) nur A_1 und $A_1 B$ agglutiniert.

In neuerer Zeit wurden noch einige weitere Antigene und Antikörper (= Agglutinine) entdeckt:

So der Phänotyp A_3 , bei dem durch Anti-A und die Seren der Gruppe O (Anti-A und Anti-B) eine Agglutination hervorgerufen wird (3). Das Serum von Angehörigen der Gruppe A_3 enthält aber kein Anti- A_1 . Es hat den Anschein, als sei A_3 tatsächlich eine schwächere Form in der $A_1 A_2$ - Allelreihe und gehöre zu einem Gen, das A_3 genannt wird. - Ein weiteres, sehr seltenes Gen ("Xx") ist der sogenannte Bombay-Typ, der 1951 entdeckt wurde (4).

Von den neuentdeckten Anti-Körpern sind zu erwähnen: Das Anti-O und das Anti-H, Antikörper, die mit Erythrocyten der Gruppen O und A_2 agglutinieren (5). - Ferner fand man die Phyttagglutinine oder Pflanzenagglutinine (6). Es sind dies bestimmte Samenextrakte, die mit tierischen und menschlichen Erythrocyten agglutinieren und zur Bestimmung der $A_1 A_2$ - Untergruppen dienen.

II.

Die Vererbung der $A_1 A_2$ /B/O - Gruppen wurde von BERNSTEIN in den Jahren 1924 bis 1930 aufgezeigt (7).

Ein Kind kann von seinen Eltern, also einmal von seinem Vater und

einmal von seiner Mutter je eines der 4 Gene "A₁", "A₂", "B" oder "O" ererben, die sich, wie Tabelle 1 zeigt, zu 10 Genotypen kombinieren lassen, von denen bei Anwendung der Anti-Seren Anti-A₁, Anti-B und Alpha₁ 6 Phänotypen unterschieden werden können. Die Genotypen A₁A₁, A₁A₂ und A₁O, ebenso wie BB, BO und A₂A₂, A₂O lassen sich auf direkte Weise nicht feststellen. Durch Familienbestimmung allerdings, insbesondere von Eltern und Geschwistern kann auf indirektem Wege der genaue Genotyp ermittelt werden, was für den indirekten Vaterschaftsausschluss, wie später noch genau zu zeigen ist, von ausschlaggebender Bedeutung ist.

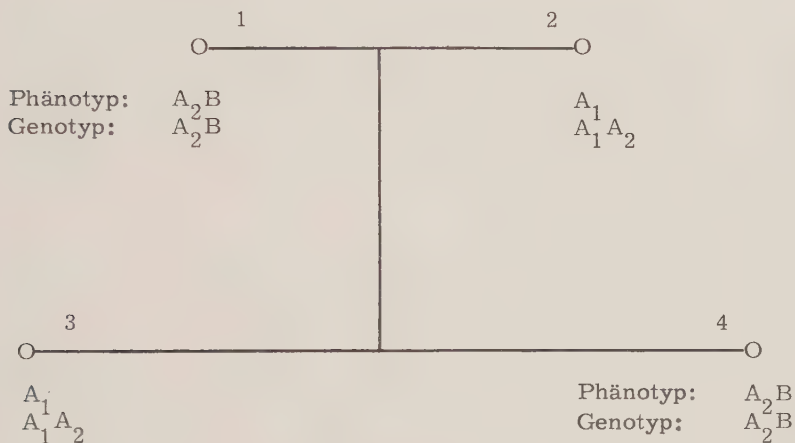
Tabelle 1: Phänotypen und Genotypen, sowie Antigene und Antikörper im ABO - System.

Blutgruppen	Phänotypen	Genotypen	Antigene am Erythrocyten	Antikörper im Serum
O	O	OO	--	Anti-A, Anti-A ₁ , Anti-B
A	A ₁	A ₁ A ₁ , A ₁ A ₂ , A ₁ O	A ₁ und A ₂	Anti-B
	A ₂	A ₂ A ₂ , A ₂ O	A ₂	Anti-B
B	B	BB, BO	B	Anti-A, Anti-A ₁
AB	A ₁ B	A ₁ B	A ₁ B	Regelmässig: Keine, gelegentlich: Irreguläres Anti-A ₂ (-H)
	A ₂ B	A ₂ B	A ₂ B	Regelmässig: Keine, gelegentlich: Irreguläres Anti-A ₁

In der als Beispiel angeführten Familie (8), (Abbildung 1) hat der Vater und die Tochter den Phänotyp A₁, der Genotyp ist zunächst nicht bestimmbar. Der Phänotyp von Mutter und Sohn ist festgelegt:

Der Sohn hat von seiner Mutter B, von seinem Vater A_2 ererbt. Die Tochter, die kein B besitzt, hat das A_1 von der Mutter, von dem Vater A_1 ererbt. Somit sind für Vater² und Tochter der Genotyp A_1A_2 ermittelt.

Abbildung 1: Beispiel der Vererbung im ABO - System in einer Familie (1 = Mutter, 2 = Vater, 3 = Tochter, 4 = Sohn). (8)



Der Rhesus-Faktor

I.

LANDSTEINER und WIENER (9) stellten 1940 fest, dass Seren von Kaninchen, die mit Blut von Rhesus - Affen immunisiert worden waren, die Blutkörperchen von 85 % der Menschen der weissen Rasse agglutinierten. Sie bezeichneten diese als Rh - positiv, die 15 %, die nicht reagierten, als Rh - negativ.

Im Blut gesunder, nicht sensibilisierter Menschen treten keine Rh - Antikörper auf wie im ABO - System, können aber durch Übertragung nicht - Rh - gruppengleichen Blutes, sowie bei Frauen in der Schwangerschaft mittels Sensibilisierung durch das Kind hervorgerufen werden. Man fand ferner noch weitere Anti - Rh - Seren, die seltener anzutreffen sind, mit 80, 70 und 30 % der Bevölkerung reagierten und deshalb "80 %ige", "70 %ige" und "30 %ige" Seren genannt wurden.

Tabelle 2: Die Reaktionen der Rh-Untergruppen mit den jeweiligen Anti-Seren.

	cDe =R _o	CDe =R ₁	cDE =R ₂	CDE =R _z	cde =r	Cde =r'	cdE =r''	CdE =r _y
70 %ig Anti-C:	-	+	-	+	-	+	-	+
85 %ig Anti-D:	+	+	+	+	-	-	-	-
30 %ig Anti-E:	-	-	+	+	-	-	+	+
80 %ig Anti-c:	+	-	+	-	+	-	+	-
65 %ig Anti-d:	-	-	-	-	+	+	+	+
96 %ig Anti-e:	+	+	-	-	+	+	-	-

Nach der Theorie von WIENER (10) werden, entsprechend den 4 Seren, 4 Rh - positive Untergruppen (R_o, R₁, R₂ und R_z) und 4 Rh - negative Untergruppen (r, r', r'' und r_y) unterschieden. Nach der Theorie Wiener's vererben sich diese acht Untergruppen im Sinne Mendels: Er führte sie auf allelomorphe Gene zurück, von denen jeweils ein Gen an der gleichen Stelle eines bestimmten Chromosoms liegt.

Mit dieser Erklärung liessen sich jedoch nicht alle gemachten Erfahrungen in Einklang bringen.

FISHER (11) dagegen fordert in seiner Theorie die Bestimmung der acht Untergruppen durch drei allelomorphe Genpaare, wobei je drei Gene auf den beiden homologen Chromosomen liegen. - Das "70 %ige"

Serum agglutiniert nun gerade die Rh - Blute, die das "80 %ige" Serum nicht zusammenballt, woraus Fisher auf zwei allele Gene schloss, die er "C" und "c" bezeichnete. Das "85 %ige" und das "30 %ige" Serum entsprachen sich nicht in ihren Reaktionen, Fisher schloss daher auf zwei verschiedene Gene "D" und "E". Die Auffindung der dadurch theoretisch vorausgesagten Gene "d" und "e" erwies die Richtigkeit der Theorie Fisher's (Tabelle 2).

II.

Aus der Tabelle 3 (12) ergeben sich nun die acht möglichen Genkombinationen und ferner die Ableitung der Nomenklatur nach FISHER. (In dieser Arbeit werden nach Möglichkeit stets beide Nomenklaturen verwandt).

D ^u	+
D	+
d	+
C	+
c	+
C ^w	
C ^u	
C ^x	
C ^v	
c	
E	+
e	+
E ^u	
E ^w	
f	
F	
V	
v	

Tabelle 3: Die Rh-Nomenklatur nach Wiener und Fisher (12)

Wiener	Fisher
R ₀	cDe
r	cde
R ₁	CDe
r'	Cde
R ₂	cDE
r''	cdE
R _z	CDE
r _y	CdE

Abbildung 2: Diagramm eines Rh - Chromosoms (13). (Die mit einem "+" versehenen Chromosomen besitzen die grösste Frequenz).

In jüngster Zeit wurden noch einige neue Allele von C, c; D, d und E, e gefunden, die auf dem Diagramm eines Rh - Chromosoms (13) eingetragen sind (Abbildung 2).

D^u wird durch einige Anti-D-Seren agglutiniert, durch andere nicht (14). Hier liegen hauptsächlich qualitative Unterschiede vor, da der Titer der verwendeten Anti-D-Seren keine Rolle spielt. Die Berech-

nungen über die Häufigkeit seines Vorkommens schwanken sehr stark. - C^w wurde 1946 entdeckt (15). "w" gilt hier als Abkürzung für "Willis", den Namen des Spenders, dessen Blut diese Antikörperbildung verursachte. Auch der Antikörper Anti- C^w wurde gefunden. - Das Antigen C^x wurde bisher bei 3931 Personen viermal entdeckt (16). - Die Frequenz von C^u und c^v ist noch nicht bekannt (17), bei 284 Personen wurde jeweils eines der beiden Antigene gefunden. - Die Arbeiten und Forschungen über die weiteren Antigene sind noch in der Entwicklung begriffen.

III.

Die Bedeutung des Rh - Faktors für die Klinik ist sehr gross (18). Rh-negative Personen (mit reinerbig: "d" = r) können nämlich durch mehrere, manchmal sogar nur durch eine wiederholte Transfusion Rh - positiven Blutes ("D") Transfusionszwischenfälle mit schwersten Symptomen zeigen. Rh-negative Frauen können auch durch eine oder mehrere vorausgegangene Schwangerschaften mit Rh-positiven Foeten sensibilisiert sein, sodass eine Transfusion mit Rh-positivem Blut schon lebensgefährlich sein kann. Hat zum Beispiel ein "Rh - negativer" Mann mit dem Genotyp "Cde" = r' einer Person mit "cde" = r Blut übertragen, so bildet der Empfänger unter Umständen ein Anti-C-Agglutinin, was bei erneuter Transfusion ebenfalls zu Zwischenfällen führen kann, sofern das Spenderblut den Faktor "C" enthält. Da aber die "Rh-negativen" Gruppen Cde = r', cdE = r" und CdE = r_y sehr selten sind, treten diese Störungen nur extrem selten auf.

Die im mütterlichen Serum während einer Schwangerschaft vorhandenen Rh-Antikörper können der Grund für die Erythroblastosis foetalis, einem Komplex von Neugeborenenenerkrankungen sein.

Eine Rh-bedingte Erythroblastose setzt voraus, dass die Mutter Rh-negativ und der Foetus Rh-positiv ist, indem er dieses Erbmerkmal von seinem Rh-positiven Vater ererbt hat. Die kindlichen Erythrocyten sind dann die Träger des Rh-Antigens. Während der Gravidität oder unter der Geburt gelangen sie in den Kreislauf der Mutter und verursachen hier die Bildung spezifischer Anti-Körper, die nun ihrerseits wieder auf die Frucht übergehen und dort Antigen-Antikörper-Reaktionen auslösen können.

Während man früher eine strenge Trennung von kindlichem und mütterlichem Kreislauf annahm, ist nach den neuesten Erkenntnissen die Placenta für die zellulären Blutbestandteile nicht völlig undurchlässig. Bei der ersten Gravidität führt dies in der Regel noch zu keiner wesentlichen Antikörperbildung, bei späteren Schwangerschaften ist die Mutter aber sensibilisiert; es kann nunmehr schon durch eine kleine Menge foetaler Erythrocyten zu einer gewaltigen Vermehrung der mütterlichen Antikörper und somit zu Schädigungen für das

Kind kommen. Hierzu zählen die Anaemia neonatorum, der Icterus gravis, praecox oder tardus, der Hydrops universalis foetus et placentae, sowie kindliche Lebercirrhose und Hepato- und Splenomegalia infantum (19).

IV.

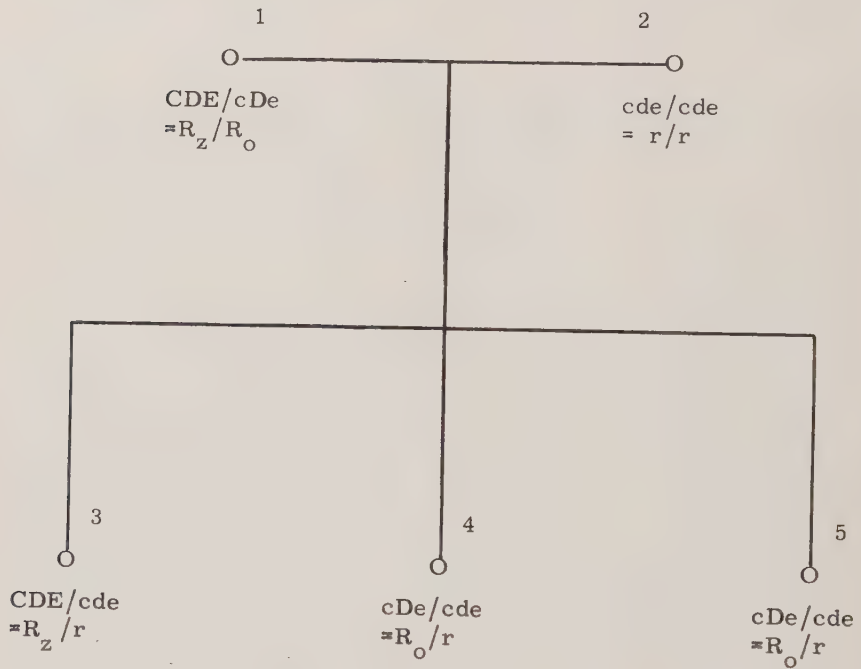
Dass die Vererbung des Original - Rh - Antigens D ($= R_0$) streng nach den Mendel'schen Gesetzen erfolgt, wurde schon sehr früh festgestellt (20). Es fand sich, dass bei 57 Paarungen ("kein D mal kein D") mit insgesamt 131 Kindern nur ein Kind das Antigen D enthielt; die Ausserehelichkeit wurde auch durch einen direkten MN - Ausschluss erwiesen. Zu den gleichen Ergebnissen kam man bei den C, c -, und E, e - Antigenen.

Es handelt sich hier nun aber nicht um eine einfache, sondern eine dreifache Vererbung: Die Antigene werden dreifach weitergegeben. Angenommen, ein Mensch hat von seinem Vater ein c, ein d und ein E; von seiner Mutter ein C, ein D und ein e - Antigen ererbt, so wird er seiner eigenen Nachkommenschaft im Durchschnitt je zur Hälfte die väterlichen Antigene c, d, E, bzw. die mütterlichen C, D, e weitervererben. Wie bei den klassischen Blutgruppen kann ein Kind nicht eines der einfachen Gene (C, c, D, d, E, e) ererben, wenn kein Elternteil dieses Gen besitzt. Obwohl durch die Dreiernatur der Vererbung eine grössere Anzahl von Paarungstypen ermöglicht würde, werden durch die Drei-Gen-Assoziation die Möglichkeiten erheblich eingeschränkt. Eltern mit den Antigenen C, c, d, d, E, e einerseits und c, c, d, d, e, e andererseits könnten vier Kindertypen hervorbringen: "C, c, d, d, e, e;" "C, c, d, d, E, e;" "c, c, d, d, E, e" und "c, c, d, d, e, e". Tatsächlich aber gibt es nur zwei Möglichkeiten:

1. Cde/cde mal cde/cde ($= r_r$ mal rr) mit den Kindertypen: Cde/cde und cde/cde ($= r_y^y$ bzw. rr) und;
2. Cde/cdE mal cde/cde ($= r_y^y r''$ mal rr) mit den Kindertypen: Cde/cde und cdE/cde ($= r^r$ bzw. r''r).

Der Gang der Vererbung sei an einem Familienstammbaum von LAWLER und BERTINSHAW (21) erläutert (Abbildung 3), mit dessen Hilfe der sehr seltene Genotyp CDE/cDe $= R_z R_0$ festgelegt werden konnte.

Abbildung 3: Rh - Stammbaum nach Lawler und Bertinshaw (21).



Person 2: Mit Anti-C, -D und -E negative Reaktion, positiv mit Anti-c und -e. Einzig möglicher Genotyp: $cde/cde = rr$.

Person 4 und 5: Mit Anti-C und -E negativ, mit Anti-D, -c und -e positiv: Genotyp ist $cDe/cde = R_o r$, da $cDe/cDe = R_o R_o$ wegen des mütterlichen Genotyps unmöglich ist.

Person 3: Mit allen vier Antiseren positiv: Einzig möglicher Genotyp: $CDE/cde = R_z r$, da alle anderen Möglichkeiten ($CDe/cDE = R_1 R_2$; $CDe/cdE = R_1 r''$; $cDE/Cde = R_2 r'$; $CDE/cDe = R_1 R_2$; $cDe/CdE = R_1 r$) wegen des mütterlichen Bluttyps ($cde/cde = rr$) unmöglich sind.

Person 1: Mit allen vier Antiseren positiv, einzig möglicher Genotyp: $CDE/cDe = R_z R_o$. Die weiteren Möglichkeiten entfallen, da den Kindern $CDE = R_z$, bzw. $cDe = R_o$ vererbt worden sein muss.

Weitere Blutgruppensysteme

Von den weiteren Blutgruppen, die hier nur am Rande interessieren, seien erwähnt: Das MN - System, die P-, Lutheran-, Kell-, Lewis-, Duffy- und Kidd-Gruppen.

Das MN - System wurde 1927 entdeckt (22). Nach der Zwei-Gen-Theorie gibt es zwei allelomorphe Gene M und N. Man unterscheidet dabei die Genotypen MM, MN und NN, und die Phänotypen: M, MN und N; es sind hier also Phänotypen und Genotypen identisch. Daher besitzt dieses System auch eine grosse Bedeutung für die Abstammungsbegutachtung. Die Vererbung der Gene M und N erfolgt kombinant. Die Antikörper Anti - M und Anti - N entstehen nur sehr selten durch Immunreaktionen beim Menschen, können aber durch Immunisierung von Kaninchen gewonnen werden. Die Verteilung der Phänotypen ergibt folgendes Bild: M = 28 %, MN = 50 % und N = 22 % (23).

Hand in Hand mit dem MN - System wurden die P - Gruppen entdeckt (22). Die Vererbung erfolgt auch hier nach den Mendel'schen Gesetzen. Man unterscheidet phänotypisch: P-positives und P-negatives Blut, entsprechend den Genotypen PP und Pp, sowie pp; etwa 79 % aller Menschen sind P-positiv, 21 % P-negativ (24).

1946 fanden CALLENDER und RACE (15) den Antikörper, der die Lutheran - Blutgruppen definiert; sie wiesen auch nach, dass das Antigen Lu^a als dominantes Mendel'sches Erbmerkmal vererbt wird. Die Gene bezeichnet man als Lu^a und Lu^b, die Phänotypen als Lu (a+) und Lu (a-). Circa 92 % aller Menschen sind Lu (a-), 8 % Lu (a+) (25).

Die Kell-Blutgruppen wurden durch Auffindung eines Antikörpers "Anti-K" im Serum einer Mutter (Mrs. Kellcher) entdeckt (26), der die roten Blutzellen ihres Mannes, ihres Kindes und etwa 8 % aller Menschen agglutinierte. Das korrespondierende Antigen k, das durch den Antikörper "Anti-Cellano" nachgewiesen werden kann, wurde einige Zeit später gefunden. Man unterscheidet daher das Gen K und das Gen k, die sich wie M und N kombinant vererben. Die Bedeutung der Kell-Gruppen bei Vaterschaftssachen nimmt in jüngster Zeit immer mehr zu.

Die Lewis - Gruppen wurden 1946 von MOURANT (27) entdeckt, der den Antikörper Anti-Le^a fand, der die Erythrocyten von 22 % aller Europäer agglutiniert. Bis heute allerdings ist das System noch immer ziemlich unerforscht; nunmehr hat es den Anschein, als ob das Lewis-System mehr ein Antigen-System von Serum und Speichel als der Blutzellen selbst sei.

Von allen bekannten Blutgruppen - Genen macht das Duffy - Gen Fy sicher den grössten Unterschied zwischen Negern und Weissen (28).¹ Es gibt nämlich ausser den Genen Fy^a und Fy^b, die hauptsächlich

bei den Europäern vorkommen, noch ein drittes alleles Gen (Fy), das bei den Negern eine Frequenz von über 90 % besitzt, bei Europäern aber überhaupt nicht auftritt.

Das 1951 entdeckte Kidd - Blutgruppensystem (29) bereitet bei der Bestimmung erhebliche Schwierigkeiten. Das Antigen, Ik^a genannt, kommt bei etwa 76 % aller Menschen vor.

Direkte Vaterschaftsausschlüsse

I.

Schon seit 1926 werden die Blutgruppen für Abstammungsuntersuchungen gerichtlich anerkannt, und zwar in den Unterhalts- und Ehelichkeitsanfechtungsklagen, also in den "Vaterschaftsprozessen", sowie auch strafrechtlich bei Meineids-Verfahren. Der Ausschluss eines zu Unrecht als Erzeuger eines Kindes in Anspruch Genommenen gründet sich auf eine bestimmte Konstellation monogener Erbmerkmale mit regelrechter Manifestation (30).

Entscheidend ist hierbei einmal die Dominanzregel, wonach ein Mann, der das dominante Merkmal des Kindes nicht aufweist, als Erzeuger dieses Kindes auszuschliessen ist, wenn auch der Kindsmutter dieses Merkmal fehlt. Wenn zum Beispiel ein Kind die Gruppe $R_1 r = CDe/cde$ hat, der vermeintliche Vater $rr = cde/cde$, und die Kindsmutter ebenfalls $rr = cde/cde$, so erfolgt der Vaterschaftsausschluss dieses Mannes nach der Dominanzregel, da das " r " = cde des Kindes von der Mutter stammen muss, der Mann das " R_1 " = CDe des Kindes aber nicht besitzt.

Zum andern gibt es noch die Ausschlussmöglichkeit auf Grund der umgekehrten Homozygotie. Eine solche umgekehrte Reinerbigkeit liegt dann vor, wenn Kind und Mann in zwei verschiedenen Teil-Antigenen homozygot sind, also zum Beispiel: Kind: $R_1 R_1 = CDe/CDe$ und Mann $R_2 R_2 = cDE/cDE$. Auch hier kann der betreffende Mann ausgeschlossen werden, weil er das reinerbig auftretende $R_1 = CDe$ des Kindes nicht besitzt.

Einen vollen gerichtlichen Beweiswert im Sinne des "offenbar unmöglich" besitzen nur die Ausschlüsse nach der Dominanzregel, während Ausschlüsse auf Grund von umgekehrter Homozygotie eine gewisse Zurückhaltung erfordern (31).

II.

Man unterscheidet nun direkte Vaterschaftsausschlüsse, bei denen die zum Ausschluss führenden Blutgruppenmerkmale direkt durch serologische Untersuchungen erkannt werden können, und indirekte Vaterschaftsausschlüsse, bei denen diese Feststellung nur durch das Verfahren der Verwandten-, insbesondere der Elternuntersuchung gelingt.

Im A/B/O - System sind nur AB - Menschen und O - Menschen genotypisch direkt erkennbar; ein A - Mensch kann, was direkt nicht ermittelt werden kann, die Genotypen: $A_1 O$, $A_1 A_1$ und $A_1 A_2$ haben (infolge der Dominanz von A_1 über A_2 , und von A und B über O), ein B - Mensch BO und BB. In besonders gelagerten Fällen allerdings kann man den Genotyp des Kindes von der Mutter ableiten, zum Bei-

spiel; Mutter: O, Kind: A_1 , folglich muss das Kind den Genotypus " $A_1 O$ " haben. Meist aber werden die Ausschlüsse im A/B/O - System auf Grund der Phänotypen ermittelt werden.

Tabelle 4 (32) zeigt die theoretischen Ausschlussmöglichkeiten im A/B/O - System.

Tabelle 4: Ausschlussbarkeit in den klassischen ABO - Gruppen einschliesslich Untergruppen (32).

Von einer Mutter mit:	Bei einem Kinde mit:	Sind als Erzeuger auszuschliessen: Männer mit:					
O	A_1	O	-	A_2	B	-	$A_2 B$
O	A_2	O	-	-	B	$A_1 B$	-
A_1	A_2	-	-	-	-	$A_1 B$	-
A_1	$A_1 B$	O	A_1	A_2	-	-	-
A_1	$A_2 B$	O	A_1	A_2	-	-	-
A_2	A_1	O	-	A_2	B	-	$A_2 B$
A_2	A_2	-	-	-	-	$A_1 B$	-
A_2	$A_2 B$	O	A_1	A_2	-	-	-
B	A_1	O	-	A_2	B	-	$A_2 B$
B	A_2	O	-	-	B	$A_1 B$	-
B	$A_1 B$	O	-	A_2	B	-	$A_2 B$
B	$A_2 B$	O	-	-	B	$A_1 B$	-
$A_1 B$	$A_1 B$	O	-	A_2	-	-	-
$A_1 B$	$A_2 B$	O	-	-	B	$A_1 B$	-
$A_2 B$	A_1	O	-	A_2	B	-	$A_2 B$
$A_2 B$	A_2	-	-	-	-	$A_1 B$	-
$A_2 B$	$A_1 B$	O	-	A_2	B	-	$A_2 B$
$A_2 B$	$A_2 B$	O	-	-	-	-	-

Phänotyp des behaupteten Vaters

Phäno- typ der Mutter	1. rr= cde /cde	2. r''r =cdE /c	3. R ₀ r =cDe /c	4. R ₂ r =cDE /c	5. r'r =Cde /c	6. r'r'' =CdE /c	7. R ₁ r =CDe /c	9. r'R ₁ =Cde /C	11. R ₁ R ₁ =CDe /C	12. R ₁ R ₂ =CDE /C
1. rr = cde/c	2, 3, 4, 5, 7, 8.	3, 4, 5, 7, 8.	2, 4, 5, 7, 8.	5, 7, 8.	2, 3, 4, 7, 8.	3, 4, 7, 8, 8.	2, 4, 8.	1, 2, 3, 4, 7, 8.	1, 2, 3, 4, 8.	1, 2, 3, 4.
2. r''r = cdE/c	3, 4, 5, 6, 7, 8.	3, 4, 5, 6, 7, 8.	5, 6, 7, 8.	5, 6, 7, 8.	3, 4, 7, 8.	3, 4, 7, 8.	-	1, 2, 3, 4, 7, 8.	1, 2, 3, 4.	1, 2, 3, 4.
3. R ₀ r = cDe/c	2, 4, 5, 7, 8.	5, 7, 8.	2, 4, 5, 7, 8.	5, 7, 8.	2, 4, 8.	-	2, 4, 8.	1, 2, 3, 4, 8.	1, 2, 3, 4, 8.	1, 2, 3, 4.
4. R ₂ r = cDE/c	5, 6, 7, 8.	5, 6, 7, 8.	5, 6, 7, 8.	5, 6, 7, 8.	-	-	-	1, 2, 3, 4.	1, 2, 3, 4.	1, 2, 3, 4.
5. r'r = Cde/c	2, 3, 4, 6, 7, 8, 9, 11 12.	3, 4, 7, 8, 9, 11 12.	2, 4, 6, 8, 9, 11 12.	9, 11 12.	2, 3, 4, 6, 7, 8, 11, 12.	3, 4, 7, 8, 11, 12.	2, 4, 6, 8, 12.	1, 2, 3, 4, 6, 7, 8, 11 12.	1, 2, 3, 4, 6, 8, 12.	1, 2, 3, 4.
6. r'r'' = CdE/c	4, 7, 8, 9, 11, 12	4, 7, 8, 9, 11, 12	9, 11 12.	9, 11 12.	4, 7, 8, 11 12.	4, 7, 8, 11 12.	-	2, 4, 7, 8, 11, 12	2, 4.	2, 4.
7. R ₁ r = CDe/c	2, 4, 6, 8, 9, 11 12.	9, 11 12.	2, 4, 6, 8, 9, 11 12.	9, 11 12.	2, 4, 6, 8, 12.	-	2, 4, 6, 8, 12.	1, 2, 3, 4, 6, 8, 12.	1, 2, 3, 4, 6, 8, 12.	1, 2, 3, 4.
8. R ₂ r = CDE/c	9, 11 12.	9, 11 12.	9, 11 12.	9, 11 12.	-	-	-	1, 2, 3, 4.	1, 2, 3, 4.	1, 2, 3, 4.
9. r'R ₁ = Cde/c	6, 7, 8, 9, 11, 12	7, 8, 9, 11 12.	6, 8, 9, 11 12.	9, 11 12.	6, 7, 8, 11 12.	7, 8, 11, 12.	6, 8, 12.	5, 6, 7, 8, 11, 12	5, 6, 7, 8, 12.	5, 6, 7, 8.
11. R ₁ R ₁ = CDe/C	6, 8, 9, 11 12.	9, 11 12.	6, 8, 9, 11 12.	9, 11 12.	6, 8, 12.	-	6, 8, 12.	5, 6, 7, 8, 12.	5, 6, 7, 8, 12.	5, 6, 7, 8.
12. R ₁ R ₂ = CDE/C	9, 11 12.	9, 11 12.	9, 11 12.	9, 11 12.	-	-	-	5, 6, 7, 8.	5, 6, 7, 8.	5, 6, 7, 8.

Tabelle 6: Phänotypen von Kindern, welche die Nichtvaterschaft in verschiedenen Kombinationen von Müttern und Praesumptiv-Vätern beweisen. Nach Boyd (33).

Wie beim klassischen A/B/O - System gibt es auch beim Rh-System genotypisch eindeutige Phänotypen und solche, denen mehrere Genotypen zugeordnet werden müssen. Da für die Bestimmung die Testseren Anti-C, Anti-D, Anti-E, Anti-c und Anti-e zur Verfügung stehen, können folgende Genotypen direkt bestimmt werden:
 $rr = cde/cde$, $r'r' = Cde/Cde$, $r'r = Cde/cde$, $r''r'' = cdE/cdE$,
 $r''r = cdE/cde$, $r_y r_y = CdE/CdE$, $r_y r' = CdE/Cde$ und $r_y r'' = CdE/cdE$;
 allen anderen Phänotypen sind jeweils zwei bis sechs Genotypen zugeordnet (wie im A/B/O - System kann man gelegentlich den Genotyp der Mutter vom Kind und umgekehrt ableiten.)

Test - Seren:

Anti:	-C	-c	-D	-E	-e
	+	+	+	+	+

Tabelle 5:

Beispiel der
Testung eines
Blutmusters.

Testet man zum Beispiel ein Blut mit den fünf zur Verfügung stehenden Testseren aus und erhält obenstehendes Ergebnis (Tabelle 5), so kann der Genotyp sowohl $R_1 R_2 = CDe/cDE$ als auch (neben weiteren Genotypen) $R_{2r} = CDE/cde$ sein. Hier lässt sich der Genotyp nur durch Familienuntersuchung klären.

Die kurz gefasste Tabelle 6 von RACE-BOYD (33) zeigt die möglichen Kinder aus den 78 Paarungen der zwölf Rh-Typen, bei der nur die Paarungen ausgenommen sind, die den seltenen Phänotyp $r_y r' = CdE/Cde$ beinhalten.

III.

Um nun Vergleiche anstellen zu können zwischen den theoretisch möglichen Vaterschaftsausschlüssen und den tatsächlich gefundenen Ausschlüssen, ist es notwendig, die Phänotyp-, Gen- und Genotypenfrequenzen, das heisst, die Häufigkeit der einzelnen Phäno- und Genotypen, sowie der Gene selbst zu berechnen.

Zu diesem Zwecke wurde das Material des Institutes für Gerichtliche und Versicherungs-Medizin der Universität München aus den Jahren 1953 bis 1959 untersucht, wobei die nichtverwandten Blute von Vaterschaftsparteien aus München und dem süddeutschen Raum stammten. Bei der Berechnung der einzelnen Grössen wurde im wesentlichen nach den Angaben von HOPPE vorgegangen (34).

Tabelle 7: Beobachtete Phänotypen des ABO-Systems bei 6500 untersuchten Bluten (+ = ein Fall von A₃).

Blutgruppen:	Summen:	Prozent:
A ₁	2 3 2 2	35,73
A ₂	5 1 6 ⁺	7,92
B	7 1 8	11,05
A ₁ B	2 2 2	3,42
A ₂ B	6 4	0,99
O	2 6 5 8	40,89
	6 5 0 0	100,00

a) Das A/B/O - System.

Das Untersuchungsgut umfasste insgesamt 6 500 Blute. Durch Auszählung wurden zunächst die Phänotyp-Frequenzen bestimmt (Tabelle 7). - Bei diesen, wie auch bei allen folgenden Berechnungen werden in die Formeln, bzw. Berechnungen die Frequenzen bezogen auf 1 eingesetzt.

Die Durchmischungsgleichung nach KOLLER (35), die die Durchmischung des Untersuchungsgutes prüft, und im Idealfall Null ergeben würde, zeigte nur geringfügige Abweichungen (Abbildung 4)

$$\begin{aligned} 3 - \text{Gen} - \text{Verteilung: } D &= \sqrt{A + O} + \sqrt{B + O} - 1 \\ &= 0,000\,698 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} 4 - \text{Gen} - \text{Verteilung: } D' &= \sqrt{A_1 + A_2 + O} + \sqrt{1 - A_1 - A_1 B} - \sqrt{A_2 + O} - 1 \\ &= 0,000\,843 \end{aligned}$$

Abbildung 4:

$$\begin{aligned} \text{Genfrequenz: } A_1 = p_1 &= 1 - \sqrt{1 - A_1 - A_1 B} + \frac{D'}{2} &= 0,220\,248 \\ \text{Genfrequenz: } A_2 = p_2 &= \sqrt{1 - A_1 - A_1 B} - \sqrt{B + O} + \frac{D - D'}{2} &= 0,059\,516 \\ \text{Genfrequenz: } B = q &= \sqrt{A_1 + A_2 + O} + \frac{D}{2} &= 0,080\,893 \\ \text{Genfrequenz: } O = r &= \sqrt{O} &= 0,639\,343 \\ &&= 1,000\,000 \end{aligned}$$

Abbildung 5:

Die Genfrequenzen liessen sich dann nach den Gleichungen der Abbildung 5 berechnen. Aus den Genfrequenzen konnten die Genotyp-Frequenzen nach der Binominalformel berechnet werden. Tabelle 8 gibt eine Übersicht über die Berechnung der Genotyp- und Genfrequenzen aus den beobachteten Phänotypfrequenzen.

Tabelle 8: Häufigkeitsverteilung der Phänotypen und Genotypen, sowie der Gene im ABO-System für n = 6 500 untersuchte Blute.

Beobachtete Phänotyp- Frequenzen in %;	Gen- Frequenzen (Bezugs- zahl 1)	Genotyp - Frequenzen in % :	Errechnete Phänotyp- Frequenzen in % :
$A_1 = 35,73$	$p_1 = 0,220248$	$A_1 A_1 = p_1^2 = 4,85$ $A_1 A_2 = 2p_1 p_2 = 2,62$ $A_1 O = 2p_1 r = 28,17$	$A_1 = 35,64$
$A_2 = 7,92$	$p_2 = 0,059516$	$A_2 A_2 = p_2^2 = 0,35$ $A_2 O = 2p_2 r = 7,61$	$A_2 = 7,96$
$B = 11,05$	$q = 0,080893$	$BB = q^2 = 0,65$ $BO = 2qr = 10,34$	$B = 10,99$
$A_1 B = 3,42$		$A_1 B = 2p_1 q = 3,56$	$A_1 B = 3,56$
$A_2 B = 0,99$		$A_2 B = 2p_2 q = 0,96$	$A_2 B = 0,96$
$O = 40,89$	$r = 0,639343$	$OO = r^2 = 40,89$	$O = 40,89$
Su. :100,00	1,000000	100,00	100,00

Tabelle 9: Prüfung auf Übereinstimmung der Beobachtungs- und Erwartungswerte (D = Differenz zwischen Beobachtungs- und Erwartungswert).

Phänotypen:	Erwartete, absolute Zahlen: = E	Beobachtete, absolute Zahlen: = E ± D	$\frac{D^2}{E} = \chi^2$
A ₁	2 3 1 7	2 3 2 2	0,0107
A ₂	5 1 7	5 1 6	0,0019
B	7 1 6	7 1 8	0,0055
A ₁ B	2 3 1	2 2 2	0,3648
A ₂ B	6 2	6 4	0,0625
O	2 6 5 8	2 6 5 8	0,0000
Summe:	6 5 0 0	6 5 0 0	0,4454

Tabelle 10: Vergleich des ausgewerteten Materials mit den Ergebnissen von Race und Hoppe.

Genotyp - Frequenzen in %:

Genotypen:	Race: (England, 1954)	Hoppe: (Hamburg, 1957)	Ausgewertetes Material 1959:
A ₁ A ₁	4,36	4,62	4,85
A ₁ A ₂	2,75	3,13	2,62
A ₁ O	27,59	26,68	28,17
A ₂ A ₂	0,48	0,53	0,35
A ₂ O	9,19	9,02	7,61
BB	0,37	0,84	0,65
BO	8,07	11,40	10,34
A ₁ B	2,55	3,95	3,56
A ₂ B	0,85	1,34	0,96
OO	43,58	38,49	40,89
Summen:	100,00	100,00	100,00

An Hand der Genotypen konnten nun die Erwartungswerte für die Phänotyp-Frequenzen berechnet werden, den beobachteten Phänotypen gegenübergestellt, sowie nach der X^2 - Methode (PEARSON) auf Übereinstimmung geprüft werden (Tabelle 9). $X^2 = 0,4454$ bei 5 Freiheitsgraden; die Übereinstimmung kann in allen Fällen als gut bezeichnet werden.

Zuletzt seien die Genotypfrequenzen von RACE - STEVENS (36) (1954, England) und HOPPE (35) (1957, Hamburg) unseren Ergebnissen gegenübergestellt (Tabelle 10). Die kleinen Schwankungen zwischen den einzelnen Ergebnissen liegen dabei durchaus innerhalb des üblichen Streuungsbereiches.

b) Das Rh - System.

Das Untersuchungsgut betrug ebenfalls insgesamt 6 500 Blute. Die Untersuchungen wurden im wesentlichen durchgeführt mit den Testseren Anti -C, Anti -D, Anti -E und Anti -c. Da das Testserum Anti -e erst seit Ende 1956 mitverwandt wurde, blieb es unberücksichtigt.

Die Tabelle 11 zeigt die Frequenzen der einzelnen Phänotypen, die durch Auszählung ermittelt wurden.

Tabelle 11: Beobachtete Häufigkeitsverteilung der Phänotypen des Rh-Systems bei Verwendung der Testseren Anti- C und -C^W, -c, -D und -E.

Phänotypen		Summen:	Prozent:
Fisher:	Wiener:		
CDe/c	= R ₁ r	2 2 5 5	34,72
CDe/C	= R ₁ R ₁	1 2 3 8	19,04
cDE/c	= R ₂ r	9 0 1	13,86
CDE/c	= R ₁ R ₂	8 4 8	13,04
cde/c	= r r	1 0 5 5	16,23
cDe/c	= R ₀ r	1 1 2	1,72
Cde/c	= r' r	5 2	0,80
cdE/c	= r''r	3 1	0,47
CDE/C	= R _z r'	8	0,12
Cde/C	= r' r'	-	--
CdE/c	= r _y r	-	--
CdE/C	= r _y r'	-	--
Summen:		6 5 0 0	100,00

Tabelle 12: Häufigkeitsverteilung der Genkomplexe des Rh-Systems. Nach Fisher (37).

cde	$= \sqrt{cde/c}$	$= 0,4029$
Cde	$= \sqrt{cde/c + Cde/c + Cde/C} - \sqrt{cde/c}$	$= 0,0098$
cdE	$= \sqrt{cde/c + cdE/c} - \sqrt{cde/c}$	$= 0,0058$
cDe	$= \sqrt{cde/c + cDe/c} - \sqrt{cde/c}$	$= 0,0209$
CDe	$= \sqrt{CDe/C + Cde/C} - (\text{Häufigkeit: } Cde)$	$= 0,4266$
CDE	$= \sqrt{CDe/C + Cde/C + CDE/C}$ $- (\text{Häufigkeit: } CDe/Cde)$	$= 0,0014$
cDE	$= 1 - \text{Summe der übrigen Häufigkeiten:}$	$= 0,1326$
CdE	$= \text{Unberücksichtigt wegen zu geringer Häufigkeit:}$	$= 0,0000$
		1,0000

Tabelle 13: Prüfung der Erwartungs- und Beobachtungswerte der Genhäufigkeiten in der C-c - Gruppe mit dem χ^2 - Test (D = Differenz zwischen erwarteten und beobachteten Werten)

Gene:	Erwartete, absolute Zahlen: = E	Beobachtete, absolute - Zahlen:	$\frac{D^2}{E}$
C	2 8 4 6	2 8 2 4	0,17
c	3 6 5 4	3 6 7 6	0,13
Summen:	6 5 0 0	6 5 0 0	0,30

Auch bei dieser, wie bei allen folgenden Berechnungen werden in die Formel, bzw. Berechnungen die Frequenzen, bezogen auf 1, eingesetzt. Die Frequenzen der 8 Genkomplexe wurden nach den von R. A. FISHER (37) angegebenen Formeln berechnet. (Tabelle 12). Die Häufigkeiten der einzelnen Gene erhält man dadurch, dass man die Frequenzen derjenigen Chromosomenkomplexe addiert, in denen das entsprechende Gen enthalten ist (Tabelle 14).

Tabelle 14: Häufigkeitsverteilung der einzelnen Gene des Rh-Systems.

Genkomplexe:	<u>C</u> de	=	0,0098	<u>c</u> de	=	0,4029
	<u>C</u> De	=	0,4266	<u>c</u> De	=	0,0209
	<u>C</u> DE	=	0,0014	<u>c</u> dE	=	0,0058
				<u>c</u> DE	=	0,1326
Genfrequenz:	<u>C</u>	=	0,4378	+	<u>c</u>	= 0,5622 = 1,0000
Genkomplexe:	<u>c</u> De	=	0,0209	<u>c</u> de	=	0,4029
	<u>C</u> De	=	0,4266	<u>C</u> de	=	0,0098
	<u>C</u> DE	=	0,0014	<u>c</u> dE	=	0,0058
	<u>c</u> DE	=	0,1326			
Genfrequenz:	<u>D</u>	=	0,5815	+	<u>d</u>	= 0,4185 = 1,0000
Genkomplexe:	<u>c</u> dE	=	0,0058	<u>c</u> de	=	0,4029
	<u>C</u> DE	=	0,0014	<u>C</u> de	=	0,0098
	<u>c</u> DE	=	0,1326	<u>c</u> De	=	0,0209
				<u>C</u> De	=	0,4266
Genfrequenz:	<u>E</u>	=	0,1398	+	<u>e</u>	= 0,8602 = 1,0000

Zur Kontrolle wurden die Genfrequenzen der C-c - Gruppe direkt aus den Phänotypen ermittelt, was durch das Vorhandensein der beiden korrespondierenden Testseren Anti- C und Anti- c ermöglicht wird. Die Berechnung erfolgte nach den Gleichungen:

$$\text{Genfrequenz: } C = \left(C/C + \frac{C/c}{2} \right) : 6\,500$$

$$\text{Genfrequenz: } c = \left(c/c + \frac{C/c}{2} \right) : 6\,500$$

Tabelle 15: Häufigkeiten der Genkomplexe, Gene und Genkombinationen.

Genkomplex- frequenzen:	Gen- frequenzen:	Genkombinations- frequenzen:
cde = 0,4029	C = 0,4378	CC = C ² = 0,1917
		Cc = 2Cc = 0,4922
Cde = 0,0098	c = 0,5622	cc = c ² = 0,3161
	1,0000	1,0000
=====		
cdE = 0,0058	D = 0,5815	DD = D ² = 0,3382
		Dd = 2Dd = 0,4867
cDe = 0,0209	d = 0,4185	dd = d ² = 0,1751
	1,0000	1,0000
=====		
CDe = 0,4266	E = 0,1398	EE = E ² = 0,0196
		Ee = 2Ee = 0,2405
CDE = 0,0014	e = 0,8602	ee = e ² = 0,7399
cDE = 0,1326	1,0000	1,0000

Zum Vergleich wurden nun die direkt sich ergebenden Beobachtungswerte den aus Tabelle 13 errechneten Zahlen gegenübergestellt und im X^2 - Test geprüft, wonach sich gute Übereinstimmung ergab (Tabelle 13).

Da es für die Vaterschaftsbegutachtung manchmal wichtig ist, die Frequenzen der einzelnen Genkombinationen zu wissen, wurden in Tabelle 15 die Frequenzen der Genkomplexe, der Gene und der Genkombinationen zusammengestellt.

Tabelle 17: Vergleich der Ergebnisse von CHOWN, RACE und HOPPE mit den vorliegenden Untersuchungsergebnissen (38, 39, 34).

Chromosomen- (Gen) - Frequenzen in %:

Gene:	Chown: Kanada, 1948 n = 792	Race: England, 1948 n = 2000	Hoppe: Hamburg, 1957 n = 10 000	Hiesiges Mat.: München, 1959 n = 6 500
$R_1 = CDe$	0,4172	0,4076	0,4196	0,4266
$r = cde$	0,4113	0,3886	0,4090	0,4029
$R_2 = cDE$	0,1248	0,1411	0,1364	0,1326
$R_O = cDe$	0,0195	0,0257	0,0175	0,0209
$r' = Cde$	0,0121	0,0098	0,0120	0,0098
$r'' = cdE$	0,0106	0,0119	0,0045	0,0058
$R_Z = CDE$	0,0015	0,0024	0,0010	0,0014
$r_y = CdE$	--	zu niedere Frequenzen		--
	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000

In der Tabelle 16 wurden die Frequenzen der 36 Genotypen des Rh-Systems mit Hilfe der Binominalgleichungen aus den Genkomplexen berechnet und zusammengestellt. Die hierbei bei den Phänotypen CDe/c , cDE/c und CDE/C auftretenden Schwankungen sind wohl auf das relativ kleine Untersuchungsgut zurückzuführen, liegen aber noch durchaus im Bereich der Norm.

In der Tabelle 17 wird ein Überblick gegeben über die Chromosomen- (= Gen) - Frequenzen von CHOWN 1948 aus Kanada (38) (792 Untersuchungen), von RACE 1948 aus England (39) (2000 Fälle), von HOPPE 1957 aus Hamburg (34) (10 000 Fälle) und dem vorliegenden Untersuchungsmaterial. Es zeigt sich, dass die Ergebnisse nur sehr geringfügig schwanken.

Durch Addition der einzelnen berechneten Genotypfrequenzen innerhalb der Phänotypenblocks erhält man die Erwartungswerte der Phänotypenfrequenzen. Die Erwartungswerte wurden in Tabelle 18 den Beobachtungswerten der Tabelle 11 gegenübergestellt und im χ^2 - Test verglichen. Mit Ausnahme der drei oben erwähnten Phänotypen auch hier wieder gute Übereinstimmung.

Tabelle 18: Prüfung der beobachteten und erwarteten Phänotypenhäufigkeit auf Übereinstimmung im χ^2 - Test (D = Differenz zwischen beobachteten und erwarteten Werten).

Phänotypen:	Erwartete absolute Zahlen = E	Beobachtete absolute Zahlen:	$\frac{D^2}{E} = \chi^2$
CDe/c	2 3 5 0	2 2 5 5	3,83
CDe/C	1 2 3 8	1 2 3 8	0,00
cde/c	1 0 5 5	1 0 5 5	0,00
cDE/c	8 5 6	9 0 1	2,36
CDE/c	7 9 7	8 4 8	3,38
cDe/c	1 1 2	1 1 2	0,00
Cde/c	5 1	5 2	0,01
cdE/c	3 1	3 1	0,00
CDE/C	8	8	0,00
Cde/C	-	-	----
CdE/c	-	-	----
CdE/C	-	-	----
Summen:	6 5 0 0	6 5 0 0	9,58

IV

Sehr wichtig für die Gerichtliche und Begutachtungs-Medizin ist nun die Möglichkeit, auf Grund von Blutgruppenmerkmalen, die serologisch direkt fassbar sind, Männer von der fraglichen Vaterschaft zu einem Kinde auszuschliessen.

Zunächst wurden nun die direkten Vaterschaftsausschlüsse behandelt; es sind dies die Fälle, bei denen durch eine einfache Untersuchung der Probanden (ohne Hinzunahme ihrer leiblichen Eltern) ein Vaterschaftsausschluss des als Erzeuger in Anspruch genommenen Mannes möglich ist.

Tabelle 19 zeigt unsere Ergebnisse, zugleich die maximalen Ausschlusschancen - angegeben von RACE (40), sowie zum Vergleich die Ergebnisse der Untersuchungen von JUNGWIRTH 1955 (41).

Tabelle 16: Häufigkeitsverteilung der Phäno- und Genotypen des Rh-Systems.

Beobachtete Phänotypfre- quenzen in %:	Im Phäno- typ mög- liche Gen- komplexe:	Genotypen- frequenzen in Prozent:	Errechnete Phänotypen- frequenzen in %:
CDe/c = 34,72	cde, Cde, cDe, CDe.	CDe/cde = 34,379 694 CDe/cDe = 1,726 940 Cde/cDe = 0,040 964	36,147 598
CDe/C = 19,04	Cde, CDe.	CDe/CDe = 18,198 756 Cde/CDe = 0,843 815	19,042 571
cde/c = 16,23	cde.	cde/cde = 16,238 470	16,238 470
cdE/c = 13,86	cde, cDE, cdE, cDe.	cDE/cDE = 1,759 176 cDE/cde = 10,688 634 cde/cDe = 0,554 268 cDE/cdE = 0,154 916 cDe/cdE = 0,024 424	13,181 418
CDE/c = 13,04	CDe, cDE, cDe, CDE, cdE, Cde, cde, CdE.	CDE/cDE = 11,325 782 CDe/cdE = 0,494 856 Cde/cDE = 0,259 896 CDE/cDe = 0,037 128 CDE/cde = 0,005 852 CDE/cdE = 0,130 884 CDE/cdE = 0,001 624 CdE/cDE = 0,000 000 CdE/cDe = 0,000 000	12,256 022
cDe/c = 1,72	cde, cDe.	cDe/cDe = 0,043 672 cDe/cde = 1,684 331	1,728 003
Cde/c = 0,80	cde, Cde.	Cde/cde = 0,791 782	0,791 782
cdE/c = 0,47	cde, cdE.	cdE/cdE = 0,003 364 cdE/cde = 0,467 412	0,470 776
CDE/C = 0,12	CDe, CDE, Cde, CdE.	CDE/cDe = 0,119 448 CDE/Cde = 0,002 744 CDE/CDE = 0,000 196 CdE/CDe = 0,000 000 CdE/CDE = 0,000 000	0,122 388
* Cde/C = 0,00	Cde.	Cde/Cde = 0,009 604	0,009 604
CdE/c = 0,00	cde, Cde, cdE, CdE.	Cde/cdE = 0,011 368 CdE/cde = 0,000 000 CdE/cdE = 0,000 000	0,011 368
CdE/C = 0,00	Cde, CdE.	CdE/Cde = 0,000 000 CdE/CdE = 0,000 000	0,000 000
100,00		100,000 000	100,000 000

Tabelle 19: Maximale Ausschlusschancen (40), verglichen mit den Ergebnissen Jungwirths (41), sowie den eigenen Werten (Z = Zahl der ausgeschlossenen Männer).

Blutgruppen- system:	ABO	A ₁ A ₂	MN	Rh	K	Fy	P	Mehr- fachaus- schlüsse	ge- samt:
Maximale Aus- schlusschance in %:	17,6	23,9	25,2	3,7	4,8	-	-	-	73,0
Ergebnisse v. Jungwirth 1955 in %:	6,0	2,0	8,4	19,0	2,8	-	-	8,0	46,2
Vorlie- gendes Material	in %: 6,0	3,0	10,1	19,1	2,2	0,2	0,4	16,0	57,3
	Z : 66	33	111	211	25	3	5	176	630

Das ausgewertete forensische Material besteht aus 1100 Fällen mit 1744 Männern, von denen durch direkte Ausschlüsse 630 Männer ausgeschlossen werden konnten. Auf die Gesamtzahl der Fälle bezogen, sind dies 57,3 %, auf die Männer bezogen jedoch nur 36,1 %. Es ergibt sich eine Steigerung der Ausschlussquote gegenüber Jungwirth 1955 von 11 % und somit eine erhebliche Näherung an die maximale Ausschlusschance.

Die Verteilung der Ausschlüsse auf die einzelnen Systeme zeigt ebenfalls Tabelle 19. Gegenüber früheren Ergebnissen ist eine Steigerung hauptsächlich im A₁A₂ - Untergruppen-System, im MN-System und vor allem bei den Mehrfachausschlüssen zu verzeichnen. Es ist letzteres damit zu erklären, dass im hiesigen Institut bei Feststellung eines MN- oder Rh-Ausschlusses alle anderen Systeme ebenfalls durchgetestet werden. - Vor allem beim Rh-System erreichen die praktischen Ergebnisse schon fast die maximalen Chancen.

Vergleicht man nun die Gesamtausschlüsse (Tabelle 20), so fällt auf, dass die Mehrmannsachen einen relativ hohen Anteil haben, was einen günstigen Einfluss auf die Ausschlussquote ergibt. Aus der letzten Reihe der Tabelle 20 ist die Ausschlusssteigerung ersichtlich, und zwar sind hier die ausgeschlossenen Männer in Beziehung gesetzt zur Anzahl der jeweils Untersuchten. Würde man die Zahl der ausgeschlossenen Männer jeweils auf die Zahl der Fälle beziehen, würde dies kein richtiges Bild ergeben, denn die Zahl der untersuchten Probanden bei Mehrmannsachen ist ja stets ein Vielfaches der Fallzahl.

Fünf, - Sechs - und Achtmannsachen können wegen ihrer geringen Anzahl zwar nicht berücksichtigt werden, bei den Zwei, - Drei - und Viermannsachen fällt aber, im Vergleich zu den Einmannsachen stets eine steigende Ausschlusszahl auf.

Soweit die Ergebnisse bei den direkten Ausschlüssen.

Indirekte A/B/O - Ausschlüsse.

I.

Im Gegensatz zu den bisher besprochenen direkten Vaterschaftsausschlüssen, bei denen der jeweils zum Ausschluss führende Bluttyp serologisch direkt fassbar ist, kann bei den indirekten Vaterschaftsuntersuchungen eine serologische Feststellung des fraglichen Bluttyps nicht direkt, sondern nur indirekt mittels der Untersuchung der Eltern des jeweiligen Probanden durchgeführt werden. Nur das MN-System erlaubt eine direkte Feststellung sämtlicher Genotypen, während bei allen anderen, zu Vaterschaftsuntersuchungen herangezogenen Blutgruppen, nämlich dem ABO - System mit Untergruppen, den Rh-, P- und Kell - Gruppen nur ein jeweils geringer Teil direkt bestimmt werden kann. Da im MN - System sowohl der M- als auch der N- Antikörper in gleicher Stärke vorkommen, können die Eigenschaften, die durch die beiden Gene M und N hervorgerufen werden, direkt festgestellt werden. Die Systeme "Kell" und "P" haben für den indirekten Vaterschaftsnachweis ebenfalls keinen praktischen Wert, da das Anti-k und das Anti-p (nach RACE: Anti - P + P₁) nur ganz selten auftreten (42).

Demnach kommen für die indirekte Genotypenbestimmung hauptsächlich das klassische ABO - System mit Untergruppen und der Rh - Komplex mit seinen Untergruppen in Frage.

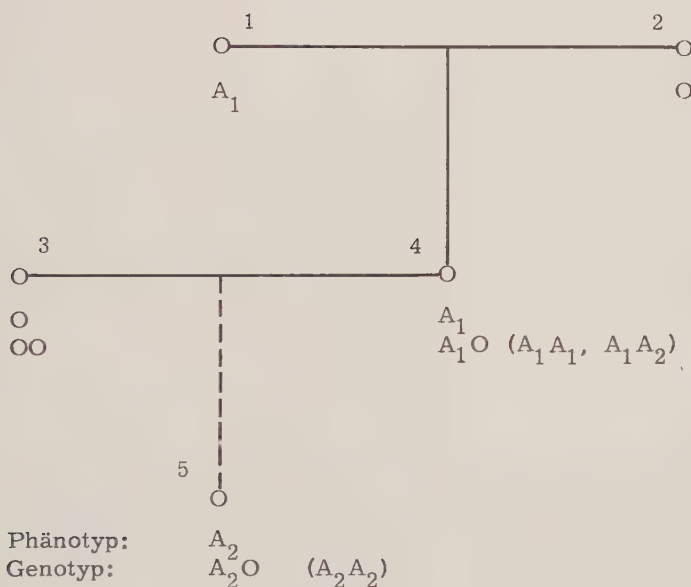
Die direkten Ausschlussmöglichkeiten sind im ABO - System begrenzt, da es zunächst einmal, ohne Berücksichtigung der A₁ A₂ - Untergruppen, insgesamt vier Mutter/Kind - Kombinationen gibt, bei denen ein Mann jeder Blutgruppe angehören kann: Mutter/Kind: A/A, B/B, AB/A und AB/B.

Hat die Mutter zum Beispiel die Gruppe "A", das Kind ebenfalls "A", so wissen wir nie den Genotyp der Mutter; sie kann nämlich "AA" und "AO" haben. Das Kind kann ebenfalls "AA" und "AO" haben, denn "A" dominiert über "O". Angenommen, das Kind hat das "A" von seiner Mutter ererbt, so kann weder ein A- noch ein O- Mann von der Vaterschaft ausgeschlossen werden; er kann dem Kinde (genotypisch AA oder AO) sowohl "A" wie auch "O" vererbt haben. Aber auch ein AB- und ein B- Mann kann niemals ausgeschlossen werden, denn der AB- Mann könnte sein "A", der B- Mann (BO oder BB!)

Abbildung 6: Beispiel der Feststellbarkeit des Genotyps mittels Familienuntersuchung.

Bei vermeintlichem Vater und Kind sind in Klammern alle weiteren Genotypen aufgeführt, die ohne Elternuntersuchung nicht abgrenzbar wären.

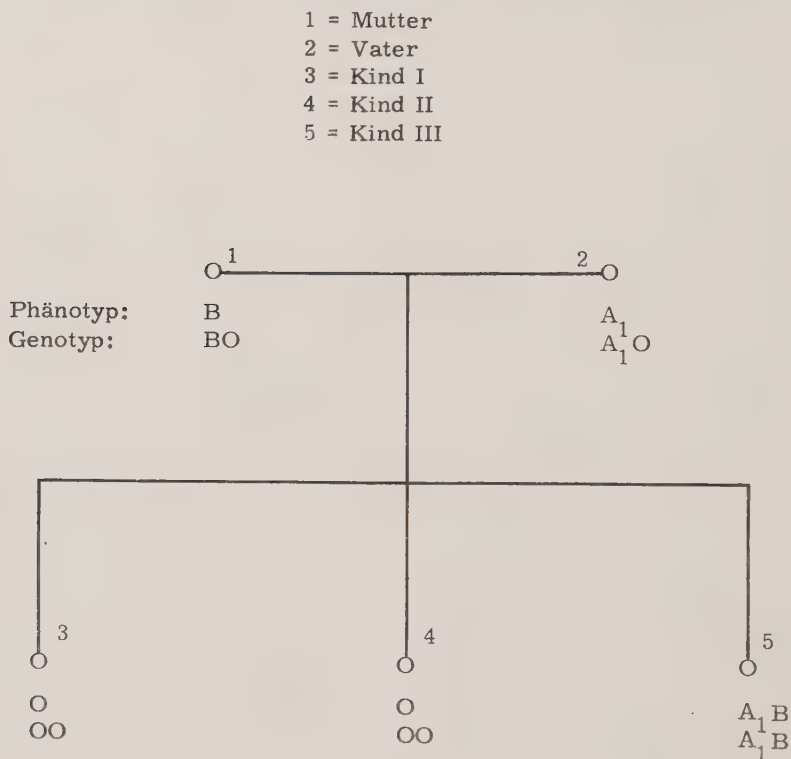
- 1 = Mutter des vermeintlichen Vaters
- 2 = Vater des vermeintlichen Vaters
- 3 = Kindsmutter
- 4 = Vermeintlicher Vater
- 5 = Kind



sein "O" dem Kinde vererbt haben. Ein B- Mann könnte dann von der Vaterschaft ausgeschlossen werden, wenn sein Genotyp als "BB" festgelegt werden könnte, denn in diesem Falle könnte er dem Kind weder ein "A", noch ein "O" vererbt haben. Dies kann dadurch festgestellt werden, dass er sowohl von seinem Vater, als auch von seiner Mutter das "B" ererbt haben muss.

Bei Hinzunahme der A_1A_2 - Untergruppen liegen die Verhältnisse ganz ähnlich:

Abbildung 7: Festlegung des elterlichen Genotyps durch Untersuchung der Kinder (8).



Wenn ein Kind wie in Abbildung 6 den Phänotyp A_2 hat (mögliche Genotypen: A_2O und A_2A_2) und die Mutter des Kindes O (einzig möglicher Genotyp ist OO !), so kann ein Mann mit A_1 nicht direkt ausgeschlossen werden, weil er in seinem Genotyp ein A_2 enthalten könnte (A_1A_2). Liesse sich nachweisen, dass er genotypisch A_1O oder A_1A_1 wäre, könnte er von der Vaterschaft ausgeschlossen werden. Angenommen, der Vater des Probanden hat die Gruppe O, seine Mutter die Gruppe A_1 , so muss der angebliche Vater des Kindes genotypisch A_1O haben, da er von seinem eigenen Vater O, von seiner Mutter sicher A_1 (unabhängig von deren Genotyp) ererbt hat. Somit wäre er in diesem Falle von der Vaterschaft auszuschliessen. Es wäre dies also ein "Indirekter Vaterschaftsausschluss" mit der Konstellation: Mutter/Kind/Mann = $O/A_2/A_1$.

Ein weiteres Beispiel (Abbildung 7) soll zeigen, dass man mittels Familienuntersuchung aus den Gruppen der Kinder auf die Geno-

typen der Eltern schliessen kann:

Aus den Gruppen der beiden Kinder I und II ist ersichtlich, dass beide Elternteile ihren Kindern je ein "O" vererbt haben müssen. Die Genotypen der Eltern sind infolgedessen BO, bzw. A_1O .

Durch diese Familienuntersuchungen im ABO-System kann die Zahl der bereits im ABO-System mit Untergruppen direkt ausgeschlossenen Männer noch gesteigert werden. Naturgemäss ist die Zahl der dadurch ausgeschlossenen Männer nicht sehr gross, weswegen auch nur in seltenen Fällen von den Gerichten eine "erweiterte Untersuchung" angefordert wird. Es ist nun wichtig, nicht planlos bei allen Konstellationen eine Elternuntersuchung durchzuführen, sondern nur in solchen Fällen, die eine gesteigerte Ausschlusschance besitzen. In Fällen, in denen die Vaterschaft eines Mannes fraglich ist, weil der Genotyp, der seine Vaterschaft ermöglichen würde, eine relativ geringe Frequenz hat, wird man sicherlich zu dieser Zusatzuntersuchung greifen.

Als Beispiel sei wiederum der Stammbaum der Familie in Abbildung 6 gewählt: Um als Erzeuger des Kindes in Betracht zu kommen, müsste der Mann den Genotyp A_1A_2 besitzen. Dieser Genotyp kommt aber nach unseren Berechnungen (Tabelle 8) nur in 7,37 % aller A_1 - Phänotypen vor, also ist die Wahrscheinlichkeit seines Ausschlusses sehr gross. Wird aber andererseits durch die Untersuchung der Eltern festgestellt, dass er tatsächlich den relativ seltenen Genotyp A_1A_2 besitzen kann, dann ist er als Vater dieses Kindes nicht auszuschliessen.

II.

Somit ist das Ziel der Elternuntersuchung nicht nur allein der Ausschluss, sondern auch die Bestätigung des Nichtausschlusses! HUMMEL (43) hat zu diesem Zweck festgestellt, welche Aussichten nun ganz allgemein bestehen, durch eine erweiterte Untersuchung den Genotyp des Probanden festzustellen, und untersuchte, bei wieviel Prozent der Eltern von A_1 -, A_2 - und B- Kindern eine Genotypenbestimmung möglich ist (Tabelle 21).

Die Chancen für Probanden der Gruppe " A_2 " zum Beispiel sind also etwa 68 %, von den genotypisch festlegbaren Kindern gehören rund 99,94 % der Gruppe A_2O und nur 0,06 % der Gruppe A_2A_2 an, sind also reinerbig A_2 ! Die Verteilung der feststellbaren Genotypen und der Genotypenfrequenzen in der Bevölkerung weichen stark voneinander ab, und zwar sind die Genotypen A_1O , A_2O und BO wesentlich häufiger als die übrigen Genotypen. Es ist dies so zu erklären, dass das Gen der Gruppe "O" eine wesentlich grössere Frequenz besitzt als " A_1 " oder gar " A_2 ".- Somit sind die Chancen für die Festlegung

Tabelle 21: Aussichten der Feststellbarkeit der Genotypen von A_1 -, A_2 - und B-Menschen durch Elternuntersuchung (43).

Gruppe der Probanden:	Genotyp durch Elternuntersuchung		Frequenzen der feststellbaren Genotypen in %:	Beobachtete Genotyp-Frequenzen:
	festlegbar in %:	nicht festlegbar in %:		
A_1	56, 54	43, 46	$A_1O = 98, 69$	79, 03
			$A_1A_2 = 1, 27$	7, 37
			$A_1A_1 = 0, 04$	13, 60
A_2	68, 01	31, 99	$A_2O = 99, 94$	95, 61
			$A_2A_2 = 0, 06$	4, 39
B	85, 23	14, 77	$BO = 99, 34$	94, 09
			$BB = 0, 66$	5, 91

des Genotyps durch die Elternuntersuchung theoretisch zunächst ganz gut.

Beim vorliegenden Untersuchungsgut von 1100 Fällen konnte bei 26, den Gerichten empfohlenen Elternuntersuchungen, von denen allerdings nur 17 durchgeführt wurden, insgesamt neunmal der Genotyp bestimmt werden, davon achtmal bei A_2 -, und einmal bei einem A_2B - Kind.

Die acht Fälle, in denen eine Bestimmung des Genotyps nicht durchgeführt werden konnte, verteilen sich folgendermassen:

Ein Fall: Beide Elternteile verweigern die Untersuchung.

Drei Fälle: Ein Elternteil verweigert die Untersuchung und macht damit eine Klärung des Genotyps des Kindes unmöglich.

Zwei Fälle: Ein Elternteil ist verstorben.

Ein Fall: Ein Elternteil ist nicht erreichbar.

Ein Fall: Fragliche Vaterschaft des gesetzlichen Vaters.

Die Angaben Hummels besitzen vorwiegend theoretisches Interesse, wie sich auch aus der anscheinend so geringen Anzahl von Genotypenfeststellungen in unserem Untersuchungsgut ergibt.

III.

Mit den eigentlichen Ausschlusschancen der Familienuntersuchung im ABO - System befasste sich W. FISCHER (44).

Die Zahl der bei dem klassischen ABO - System ohne Untergruppen zusätzlich zu den direkten Ausschlüssen ausschliessbaren Männer ist nur sehr minimal: Zur maximalen direkten Ausschlusschance kommen nun - nach Fischer - noch etwa 0,079 % an indirekten Ausschlüssen hinzu, eine Zahl, die den Sachverständigen nicht berechnen sollte, dem Gericht in diesem Fall des klassischen ABO - Systems ohne Untergruppen eine Zusatzuntersuchung zu empfehlen, denn nur auf etwa 200 direkte Ausschlüsse käme ein Ausschluss auf Grund der Eltern- und Verwandtenuntersuchung.

Wesentlich günstiger wird das Bild, wenn man die A_1 - und A_2 - Untergruppen hinzunimmt. - Fischer (44) hat hier sämtliche, theoretisch möglichen indirekten Ausschlüsse mit ihren jeweiligen Frequenzen bestimmt. (Tabelle 22). Die Zahlen der ersten Spalte ("1 - 10 b") bezeichnen die einzelnen möglichen Konstellationen, die durch den kindlichen und mütterlichen Bluttyp ("gegenüber Kindern" - "von Müttern") bestimmt sind, und bei denen jeweils die Männer von der Vaterschaft ausschliessbar sind, deren Bluttypen mittels bestimmter elterlicher Blutgruppen ("durch Aszendenz") als die der vierten Spalte ("Männer mit") bestimmt wurden. Die letzte Spalte gibt die Chancen dieser Möglichkeiten in Prozent wieder.

In dieser Tabelle sind alle möglichen Kind/Mutter/Mann-Kombinationen zusammengefasst, wobei immer der Genotyp der ausschliessbaren Männer aufgeführt wird. Unter "Aszendenz" versteht man die Ableitung der Genotypen der Männer von den jeweiligen Eltern; hier werden die elterlichen Bluttypen aufgeführt, die zu den Genotypen (der Männer) führen, die einen Ausschluss beweisen. Es zeigt sich, dass alle Männer, die $A_1 A_1$ reinerbig besitzen sollen, Eltern mit den Genotypen $A_1 B$ mal $A_1 B$ aufweisen müssen; alle Männer mit $A_1 A_2$ benötigen die elterlichen Genotypen A_1 mal $A_2 B$; soll der Genotyp der Männer $A_1 O$ sein, so müssen deren Eltern A_1 oder $A_1 B$ mal B oder O sein.

Die Zeilen 2 b, 3 d, 4, 5 b, 6, 8 b, 9 b und 10 b der Tabelle 22 bieten die wenigsten Chancen, da hier nur reinerbige $A_1 A_1$ - Männer ausschliessbar sind (Genotypenfrequenz von $A_1 A_1 = 4,85 \% !$); bei 1 und 7 sind die Chancen ebenfalls sehr schlecht, denn nur jeder 150. A_1 - Mann ist eindeutig positiv als $A_1 A_2$ zu ermitteln. Bei Zeile 10 a kann auf direktem Wege kein Mann, auf indirektem Wege immerhin jeder Fünfte ausgeschlossen werden, bei 9 a steigen die Chancen des direkten Ausschlusses durch die Familienuntersuchung auf das Doppelte. Relativ gross sind die Chancen bei 5 a und 8 a, am besten aber bei Konstellationen der Zeilen 2 a und 3 a, b und c.

Tabelle 23: Indirekte ABO-Ausschlüsse bei 1100 Fällen.

Konstellationen:				Empfohlen nicht durch- geführt:	Durchgeführt:		Gesamt:
Mutter	Kind	Mann	Ausschluß unmöglich		Ausschluß		
1.	O	A ₂	A ₁	4	3	3	10
2.	A ₁	A ₂	A ₁	2	4	1	7
3.	A ₁	A ₂	O	1	4	1	6
4.	B	A ₂ B	A ₁	-	-	1	1
5.	A ₂ B	A ₂ B	A ₁	1	-	-	1
6.	A ₁	A ₂	B	1	-	-	1
Summe:				9	11	6	26

IV.

Es wurde nun versucht, diese theoretischen Ausschlusschancen mit praktischen Ergebnissen zu vergleichen. Zu diesem Zwecke wurden 1100 Vaterschaftsfälle aus den Jahren 1953 bis 1959 des Institutes für Gerichtliche und Versicherungs-Medizin der Universität München auf indirekte ABO - Ausschlüsse untersucht.

An dieser Stelle sei es mir gestattet, dem Leiter dieses Institutes, Herrn Professor Dr. Wolfgang LAVES für die freundliche Überlassung und Erlaubnis zur Auswertung des Untersuchungsmaterials meinen ergebensten Dank auszusprechen.

Das Ergebnis der Untersuchungen wurde in der Tabelle 23 zusammengefasst:

Bei insgesamt 1100 Fällen wurde den Gerichten bei 26 Konstellationen die Durchführung einer Zusatzuntersuchung empfohlen; es wurde aber nur in 17 Fällen von den Gerichten eine "erweiterte Untersuchung" angefordert. Es ergibt sich somit, dass in 35 % aller durchgeführten Elternuntersuchungen zwecks indirektem ABO - Ausschlusses ein positives Ergebnis erzielt werden konnte, ein beachtliches Ergebnis!

Zur weiteren Diskussion dieses Ergebnisses sei ausgeführt, dass die 26 fraglichen Fälle den Gerichten jeweils zur Durchführung empfohlen wurden. In neun Fällen wurde keine weitere Zusatzuntersuchung vom Gericht beantragt. Diese neun Fälle, die nicht zur

Durchführung kamen, umfassten drei 2 - Mann-Sachen und sechs Ein - Mann-Sachen, wobei keiner der beteiligten zwölf Männer durch einen anderweitigen, direkten Ausschluss ausschliessbar gewesen wäre.

Von den restlichen 17 Fällen wurde elfmal die Untersuchung zwar durchgeführt, ein Ausschluss konnte jedoch nicht nachgewiesen werden (Tabelle 23).

Davon waren von den drei Fällen ("Ausschluss unmöglich") der Zeile 1 der Tabelle 23 (Mutter/Kind/Mann - Kombination: $O / A_2 / A_1$; zum Ausschluss des Mannes notwendiger Genotyp: A_1O):

1. Fall: Mutter des vermeintlichen Vaters: A_1
 Vater des vermeintlichen Vaters: A_2 .
 Die Vaterschaft dieses vermeintlichen Vaters zu einem A_2 - Kind ist hier nicht ausschliessbar, da er auch den Genotyp A_1A_2 besitzen kann: Bei dem Phänotyp (A_2) seines Vaters ist der Genotyp A_2O nicht ausschliessbar, daher besteht theoretisch die Möglichkeit, dass der vermeintliche Vater genotypisch A_1A_2 ist und somit das A_2 - Gen auf das Kind vererbt haben kann.
2. Fall: Mutter des vermeintlichen Vaters: Verstorben
 Vater des vermeintlichen Vaters: A_1
 Geschwister des vermeintl. Vaters: A_1, A_1, O .
 Auch hier ist ein A_2O der Mutter des vermeintlichen Vaters nicht ausschliessbar, der vermeintliche Vater kann also den Genotyp A_1A_2 besitzen und somit ebenfalls nicht von der Vaterschaft zu einem A_2 - Kind ausgeschlossen werden.
3. Fall: Beide Elternteile verweigerten eine Untersuchung.

Bei den Fällen der Zeile 2 der Tabelle 23 (Mutter/Kind/Mann - Kombination: $A_1 / A_2 / A_1$; zum Ausschluss des vermeintlichen Vaters notwendig: Genotyp des Mannes und der Kindsmutter: A_1O) ist die Voraussetzung einer indirekten Genotypenfeststellung dadurch besonders erschwert, dass sowohl bei der Kindsmutter als auch beim vermeintlichen Vater durch Untersuchung der jeweiligen Eltern der Genotyp als A_1O festgelegt werden muss. Im hiesigen Institut wurde so vorgegangen, dass zunächst die Eltern der Kindsmutter untersucht wurden, und nur bei einem als A_1O festgestellten Genotyp der Kindsmutter auch bei den vermeintlichen Vätern eine Elternuntersuchung durchgeführt wurde. - Von den vier Fällen ("Ausschluss unmöglich") der Zeile 2 der Tabelle 23 waren:

1. Fall: Mutter der Kindsmutter: A_1
 Vater der Kindsmutter: A_2 .
 Die Kindsmutter kann sehr wohl den Genotyp A_1A_2 haben

und ihrem Kind das A_2 - Gen vererbt haben. In diesem Fall kann ein A_1 - Mann nicht ausgeschlossen werden.

2. Fall: Mutter der Kindsmutter: A_2
 Vater der Kindsmutter: Verweigerte.
 Auch hier ist der Genotyp $A_1 A_2$ der Kindsmutter nicht ausschliessbar.
3. Fall: Mutter der Kindsmutter: A_1
 Vater der Kindsmutter: Verweigerte.
4. Fall: Mutter der Kindsmutter: Verweigerte
 Vater der Kindsmutter: A_1 .
 Auch beim 3. und 4. Fall ist der Genotyp $A_1 A_2$ der Kindsmutter nicht ausschliessbar.

Von den vier Fällen ("Ausschluss unmöglich") der Zeile 3 der Tabelle 23 (Mutter/Kind/Mann - Kombination: $A_1 / A_2 / O$; zum Ausschluss des vermeintlichen Vaters notwendig: Genotyp der Kindsmutter $A_1 O$) waren:

1. Fall: Mutter der Kindsmutter: A_1
 Vater der Kindsmutter: Verstorben.
2. Fall: Mutter der Kindsmutter: Verstorben
 Vater der Kindsmutter: A_1 .
 In beiden Fällen ist der Genotyp $A_1 A_2$ der Kindsmutter nicht ausschliessbar, sie kann ihrem Kinde das A_2 - Gen vererbt haben. Ein O - Mann ist damit von der Vaterschaft nicht auszuschliessen.
3. Fall: Mutter der Kindsmutter: $A_2 B$
 Vater der Kindsmutter: Verweigerte.
 Obwohl der Vater der Kindsmutter nicht untersucht werden konnte, kann durch das mütterliche $A_2 B$ gesagt werden, dass die Kindsmutter genotypisch $A_1 A_2$ sein muss; Die kindliche A_2 - Eigenschaft kann also sehr wohl von ihr stammen. Der Ausschluss eines O - Mannes ist somit unmöglich.
4. Fall: Der gesetzliche Vater des als Erzeuger in Betracht genommenen Mannes musste durch direkten Rh - Untergruppenschluss von der Vaterschaft zu seinem "Sohne" ausgeschlossen werden.

In sechs Fällen konnte ein indirekter ABO - Ausschluss nachgewiesen werden, in einem Fall verbunden mit einem indirekten Rh - Ausschluss des gleichen Mannes. Die Aufgliederung der einzelnen Ausschlüsse zeigt Tabelle 24. Hierbei beziehen sich die Zahlen der ersten Spalte auf Tabelle 22, und bezeichnen die jeweiligen Konstellationen. In der fünften Spalte sind die theoretisch berechneten Ausschlusschancen in Prozenten vermerkt und den praktischen Ergebnis-

Tabelle 24: Aufteilung der gefundenen indirekten ABO - Ausschlüsse nach den jeweiligen Konstellationen.
 "+" = Ein Fall kombiniert mit indirektem
 Rh - Ausschluss des gleichen Mannes.

Konstellationen:				Häufigkeit, berechnet in %:	Häufigkeit beobachtet	
Kind	Mutter	Mann			Fälle:	in %: für n = 6500
2 a.	A ₂	O	A ₁ O	0,4830	3 ⁺	0,2727
3 a.	A ₂	A ₁	O	0,2414	1	0,0909
3 c.	A ₂	A ₁	A ₁ O	0,1239	1	0,0909
8 a.	A ₂ B	B	A ₁ O	0,0814	1	0,0909
				0,9297 %	6	0,5454 %

sen, angegeben in absoluten Zahlen (sechste Spalte) und in Prozenten (letzte Spalte) gegenübergestellt.

Die einzelnen Ausschlüsse beruhen auf folgenden Untersuchungsergebnissen:

Bei der Konstellation: Kind/Mutter/Vater: A₂ / O / A₁, bei der der eine Elternteil des jeweils als Erzeuger angeschuldigten Mannes "O" oder "B", der andere "A₁" oder "A₁B" haben muss, fanden sich drei Ausschlüsse (Zeile 2 a der Tabelle 24): In zwei Fällen hatten die Väter der Präsumptivväter "O", beim dritten Fall hatte die Mutter "B" und der Vater "A₁".

Bei der Konstellation: Kind/Mutter/Vater: A₂ / A₁ / O mit einem Vaterschaftsausschluss (Zeile 3 a der Tabelle 24) war nachzuweisen, dass ein Elternteil der Kindsmutter "O" oder "B", der andere "A₁" oder "A₁B" hatte. Wird der Genotyp der Kindsmutter eindeutig auf "A₁O" festgelegt, kann ein Mann mit der Gruppe "O" von der Vaterschaft ausgeschlossen werden, denn er kann "O" dem Kinde nicht vererbt haben. Dies war hier einmal der Fall, da die Eltern der Kindsmutter "A₁" bzw. "O" hatten, und deren Genotyp somit eindeutig "A₁O" war.

Die Konstellation Kind/Mutter/Mann: A₂ / A₁ / A₁ (Zeile 3 c der Tabelle 24) erforderte eine doppelte Elternuntersuchung: Um bei vaterschaftsstrittigen A₂ - Kindern, bei denen die Kindsmutter und der vermeintliche Vater beide den Phänotyp "A₁" aufweisen, zu einem Ausschluss zu kommen, muss für die Kindsmutter und den strittigen

Erzeuger nachgewiesen werden, dass beide Beteiligten eindeutig "A₁O" aufweisen. Im fraglichen Falle hatten die Eltern des Beklagten "A₁" bzw. "O", wodurch der Genotyp ihres Sohnes eindeutig mit "A₁O" festgelegt war. Die Mutter der Kindsmutter hatte "O", sie konnte ihrer Tochter also nur ein "O" vererbt haben. Da diese aber phänotypisch "A₁" ist, muss sie genotypisch "A₁O" sein. Somit war auch hier ein Ausschluss möglich.

Bei der Konstellation: Kind/Mutter/Vater: A₂B / B / A₁ (Zeile 8 a der Tabelle 24) hatte die Mutter des Probanden "B", der Vater war bereits verstorben. Trotzdem konnte die Nichtvaterschaft des Probanden bewiesen werden; Seine Mutter muss den Genotyp "BO" besitzen, denn sie konnte ihrem Sohne niemals "B", sondern nur "O" vererbt haben. Ohne von der väterlichen Blutformel Kenntnis zu haben, kann nun gesagt werden, dass der Genotyp des Sohnes "A₁O" sein muss. Dieser kann dem Kinde also auch nicht ein "A₂" vererbt haben. Infolgedessen kann er von der Vaterschaft ausgeschlossen werden.

V.

Die Prozentsätze der beobachteten indirekten ABO - Ausschlüsse in der letzten Spalte der Tabelle 24 beziehen sich auf die untersuchten 1100 Vaterschaftsfälle. Vergleicht man Tabelle 22 (von Fischer) mit Tabelle 24, findet man, dass sich gerade in den vier Konstellationen, die am meisten erfolversprechend sind, die Ausschlüsse finden. Die dort hervorgehobenen vier Ausschlusskonstellationen finden sich im untersuchten Material in annähernd der gleichen relativen Frequenz wieder.

Es sind dies Zeile 2 a (0,4830 % theoretische Ausschlüsse zu 0,2727 % praktische Ausschlüsse), Zeile 3 a (0,2414 % theoretische Ausschlüsse zu 0,0909 % praktische Ausschlüsse), Zeile 3 c (0,1239 % theoretische Ausschlüsse zu 0,0909 % praktische Ausschlüsse) und Zeile 8 a (0,0814 % theoretische Ausschlüsse zu 0,0909 praktische Ausschlüsse).

Zusammengerechnet ergeben sich für diese vier Konstellationen 0,9297 % theoretische Ausschlussmöglichkeiten; in unserem Untersuchungsgut fanden sich dagegen 0,5454 %. Die maximale Ausschlußchance (für alle Konstellationen der Tabelle 22) gibt Fischer mit 1,228 % an, so dass mit 0,5454 % praktischer Ausschlüsse immerhin 44 % der maximalen Chancen erreicht worden sind.

Nimmt man aber nicht alle Konstellationen, sondern nur die erfolversprechenden, also die vier Konstellationen der Tabelle 24, so wird das Verhältnis: Theoretische Chancen zu praktischen Ergebnissen noch günstiger: In diesem Falle beträgt die höchstmögliche,

theoretische Ausschlusschance 0,9297 %; da sich an praktischen Ausschlüssen aber 0,5454 % fanden, ergibt sich, dass in 59 % aller günstigen Konstellationen ein Ausschluss möglich war.

VI.

Das Ergebnis rechtfertigt unseres Erachtens durchaus, in Zukunft bei Kind/Mutter/Vater - Konstellationen der Zeilen $\frac{2a}{A_1} \left(\frac{A_2}{O} / \frac{O}{A_1} \right)$, $\frac{3a}{A_1} \left(\frac{A_2}{A_1} / \frac{O}{A_1} \right)$, $\frac{3c}{A_1} \left(\frac{A_2}{A_1} / \frac{A_1}{A_1} \right)$ und $\frac{8a}{A_1} \left(\frac{A_2}{B} / \frac{B}{A_1} \right)$, eventuell auch noch bei Zeile $\frac{1}{A_1} \left(\frac{O}{A_1} / \frac{O}{A_1} \right)$, $\frac{3b}{A_1} \left(\frac{A_2}{A_1} / \frac{B}{A_1} \right)$ und $\frac{5a}{A_1} \left(\frac{A_2}{B} / \frac{A_1}{A_1} \right)$ Elternuntersuchungen der Probanden den Gerichten zu empfehlen und auch durchzuführen, denn die Ausschlusschancen sind hier relativ sehr gut. Bei allen übrigen Konstellationen dagegen sind die Chancen zu gering, um den Aufwand und die Kosten von Elternuntersuchungen zu rechtfertigen.

Indirekte Rh - Ausschlüsse

I.

Ebenso wie beim klassischen ABO - System mit seinen Untergruppen ist auch im Rh - System ohne Untergruppen die direkte Ausschlusschance zunächst relativ klein. Erst die Möglichkeit der Anwendung mehrerer Anti - Rh - Seren erlaubte es, das Erbbild in einigen Fällen genau zu bestimmen. Testet man die Erythrocyten nur mit dem Anti - D - Serum (= Standard-Serum) aus, dann ist nur eine Unterscheidung: "Rhesus-positiv" (= "D") und "Rhesus-negativ" (= "d") möglich. Hier wäre ein Vaterschaftsausschluss nur in einem Falle möglich: Mutter: "dd" (= rr = Rhesus-negativ), Kind: "DD", "Dd" (= RR, Rr; phänotypisch: Rhesus-positiv), und Mann: "dd" (= rr = Rhesus-negativ). In diesem Fall müsste das Kind von seiner Mutter das "d" = "r", und von seinem leiblichen Vater "D" = "R" ererbt haben, was in diesem Beispiel nicht von dem angeblichen Vater stammen kann.

Es ist nun so, dass mit der Entdeckung der weiteren Anti-Seren Anti- C, Anti- c, Anti- E und Anti- e und deren Einführung in die serologischen Untersuchungsmethoden eine erhebliche Anzahl von Phänotypen, nämlich achtzehn bestimmbar ist; dennoch können längst nicht alle Genotypen serologisch direkt bestimmt werden.

Serologisch (mit Hilfe der fünf vorhandenen Anti-Seren) direkt bestimmbare Genotypen gibt es nur sehr wenige, und zwar: rr = cde/cde, r' r' = Cde/Cde, r' r = Cde/cde, r'' r'' = cdE/cdE, r'' r = cdE/cde, r_y r_y = CdE/CdE, r_y r' = CdE/Cde und r_y r'' = CdE/cdE.

Es sind naturgemäss genau die Genotypen, die reinerbig "d/d" (also "Rhesus-negativ") besitzen. Da das Anti-d-Serum bisher nicht zur

Tabelle 25: Darstellung der direkt bestimmbaren Genotypen mit ihren Frequenzen.

Direkt bestimmbare Genotypen:		Frequenz
Wiener:	Race:	in %:
$r' r'$	Cde/Cde	0,009
$r'' r''$	cdE/cdE	0,003
$r' r$	Cde/cde	0,791
$r'' r$	cdE/cde	0,467
$r_y r_y$	CdE/CdE	0,000
$r_y r'$	CdE/Cde	0,000
$r_y r''$	CdE/cdE	0,000
		1,270
$r r$	cde/cde	+ 16,238

Verfügung steht, kann man durch das Anti-D-Serum nur das Fehlen von "D" feststellen, während sich die Gruppen "D/d" und "D/D" nicht unterscheiden lassen. Die übrigen Gene C, c, E und e dagegen sind direkt bestimmbar, da alle vier hierzu erforderlichen Anti-Seren bekannt sind. Gerade die Genotypen, die serologisch direkt feststellbar sind, haben aber nun, ausgenommen $rr = cde/cde$ (Frequenz: 16,238 %) nach Tabelle 25 nur eine sehr geringe Frequenz (zusammen: 1,27 %) und fallen für die praktische Bestimmung fast weg. Extrem niedere Frequenzen haben einmal alle Genotypen, die das Gen "CdE" = " r_y " enthalten, zum andern alle die, die das Gen "Cde" = " r' " oder das Gen "cdE" = " r'' " reinerbig aufweisen (Tabelle 25).

Die direkten Ausschlüsse im Rh - System mit seinen Untergruppen beruhen also im wesentlichen auf der Feststellung eines kindlichen Rh - Typs, der weder bei der Kindsmutter noch beim vermeintlichen Vater vorhanden ist (Dominanzregel). Die zweite Art der direkten Rh - Ausschlüsse beruht auf dem Vorliegen einer gegensätzlichen Reinerbigkeit zwischen dem Kind und dem vermeintlichen Vater. In diesen Fällen gelingt meist die Feststellung des Phänotyps, der mehrere Genotypen beinhalten kann, die jedoch für den vorliegenden Ausschluss nicht von Bedeutung sind.

Ein kurzes Beispiel einer einfachen Familienuntersuchung (abgeändert nach LAWLER) soll dies erläutern (21):

Das Blut der Kindsmutter wurde folgendermassen getestet:

Anti-C:	+	Anti-c:	+
Anti-D:	+		
Anti-E:	-	Anti-e:	+

Der Phänotyp der Mutter wäre also: Cc/D/ee.

Dieser Phänotypenblock umfasst aber folgende Genotypen (mit beistehenden jeweiligen Frequenzen) :

1. CDe/cde = $R_1 r$ = 34,14 %
2. CDe/cDe = $R_1 R_O$ = 1,72 %
3. Cde/cDe = $r' R_O$ = 0,04 %

Die weitaus grösste Frequenz innerhalb dieses Phänotypenblocks zeigt der Genotyp CDe/cde = $R_1 r$, deswegen würde man die Mutter des Kindes genotypisch zunächst auch diesem zuordnen.

Beim Vater ist das Blutmuster folgendermassen ausgetestet worden:

Anti-C:	-	Anti-c:	+
Anti-D:	-		
Anti-E:	-	Anti-e:	+

Hier ist der Genotyp schon durch den Phänotyp festgelegt, der Mann kann nur "d" = "r" besitzen, er hat daher den Genotyp, der als einziger hier möglich ist: cc/dd/ee = cde/cde = rr.

Angenommen, ein Kind dieser Eltern ($R_1 r$ mal rr = Cde/cde mal cde/cde) hätte nun das Blutmuster:

Anti-C:	-	Anti-c:	+
Anti-D:	+		
Anti-E:	-	Anti-e:	+

was genotypisch cDe/cDe oder cDe/cde = $R_O R_O$ bzw. $R_O r$ wäre (da aber unbestritten ehelich: Genotyp: cDe/cde = $R_O r$), so wäre damit erwiesen, dass die Kindsmutter nicht dem häufigeren Genotyp CDe/cde = $R_1 r$, sondern einem der beiden selteneren Genotypen CDe/cDe = $R_1 R_O$, bzw. Cde/cDe = $r' R_O$ (hier wegen des Kindes: Genotyp: CDe/cDe = $R_1 R_O$ wegen der grösseren Frequenz!) angehören muss.

Sollte nun in dieser Familie (elterliche Bluttypen: Mutter/Vater: $R_1 R_O$ mal rr = CDe/cDe mal cde/cde) neben dem unbestritten ehelichen Kind ein weiteres Kind wegen fraglicher ehelicher Abstammung zur Untersuchung gelangen, und würde dessen Blutmuster folgendermassen ausgetestet werden:

Anti-C:	+	Anti-c:	-
Anti-D:	+		
Anti-E:	-	Anti-e:	+

dann ergäbe sich als Phänotypenblock des Kindes CC/D/ee. In ihm sind die beiden Genotypen CDe/CDe = $R_1 R_1$ und CDe/Cde = $R_1 r'$ ent-

halten. Da der vermeintliche Vater ($cde/cde = rr$) die Eigenschaft "C" des Kindes sicher nicht besitzt, ist er somit von der Vaterschaft zu diesem Kinde auszuschliessen. Es wäre dies ein Beispiel eines einfachen direkten Vaterschaftsausschlusses.

Wenn die direkte Untersuchung keine Ausschlussmöglichkeit ergeben sollte, so besteht, ähnlich dem ABO-System die Möglichkeit, einen zum Ausschluss eines bestimmten Mannes führenden Bluttyp indirekt durch Untersuchung seiner Eltern festzustellen. Ein sehr schönes Beispiel für einen derartigen indirekten Rh - Vaterschaftsausschluss zweier Zeugen durch Untersuchung von weiteren Familienangehörigen findet sich bei JUNGWIRTH (31) (Abbildung 8).

Durch die serologische Untersuchung stellte sich heraus, dass die Kindsmutter dem Phänotyp $CDe/c.e = R_1r$ (wegen des Kindes: $cde/cde = rr$ ist der einzig mögliche Genotyp: $CDe/cde = R_1r$) angehört, das Kind dem Phäno- und damit auch dem Genotyp $cde/cde = rr$, und beide Zeugen, I und II dem Phänotypenblock: $Cc/D/Ee$. Dabei ist die Frequenz des Genotyps $CDe/cDe = R_1R_2$ gleich 11,32 %. Ferner sind hier unter anderen folgende Genotypen ebenfalls möglich: $CDe/cdE = R_1r$ mit 0,49 % Frequenz, $cDE/Cde = R_2r'$ mit 0,25 % und $CDE/cde = R_{2r}$ mit 0,13 % Frequenz.

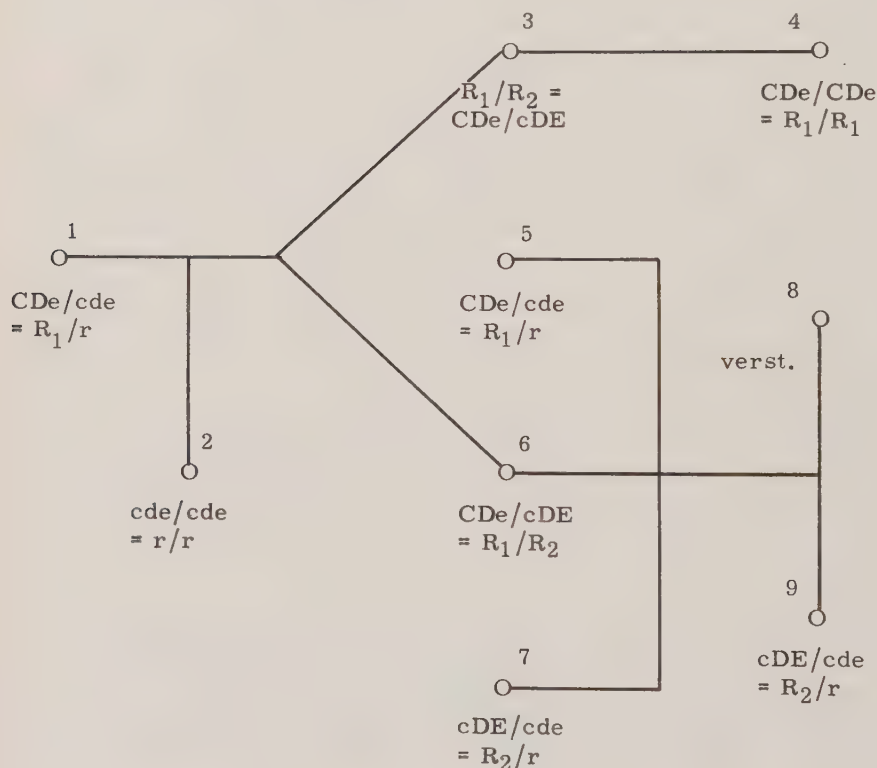
Könnte man nun nachweisen, dass beide Zeugen (I und II) als Genotyp $CDe/cDE = R_1R_2$ besitzen, dann könnten sie dem Kinde kein $cde = r$ vererbt haben und wären von der Vaterschaft ausschliessbar. Wäre aber bei einem der Zeugen (I oder II) der Genotyp $CDE/cde = R_{2r}$ nachweisbar, so würde dies seine Vaterschaft möglich machen, da der Genotyp $CDE/cde = R_{2r}$ nicht gegen seine Vaterschaft sprechen würde.

Zunächst wurde die Mutter des Zeugen I untersucht. Da sie $CDe/CDe = R_1R_1$ reinerbig besass, konnte sie ihrem Sohn, dem Zeugen I nur ein $CDe = R_1$, nicht aber ein $cde = r$ oder $CDE = R_{2r}$ vererbt haben: Dieser kann also den Genotyp $CDE/cde = R_{2r}$ nicht besitzen und muss daher von der Vaterschaft zu besagtem Kinde ($cde/cde = rr$) ausgeschlossen werden.

Der Vater des Zeugen II war bereits verstorben und fiel für die Untersuchung aus; die Mutter hat den Typ $cDE/c.e = R_2r$, kann also ihrem Sohn, dem Zeugen II durchaus ein $cde = r$, aber auch ein $cDE = R_2$ vererbt haben. Ohne Untersuchung der Geschwister des Zeugen II könnte also nicht gesagt werden, ob dieser genotypisch $CDe/cDE = R_1R_2$ oder $CDE/cde = R_{2r}$ besitzt. Sein Vater muss aber ein $CDe = R_1$ besessen haben, denn der Bruder des Zeugen II besitzt den Typ $CDe/cde = R_1r$; da die Schwester $cDE/c.e = R_2r$ aufweist, muss der Vater höchst wahrscheinlich $CDe/cde = R_1r$ besessen haben, sicher aber nicht $CDE/cde = R_{2r}$ (wegen seiner Tochter !). Somit kann der Zeuge II sehr wohl den Genotyp $CDe/cDE = R_1R_2$,

Abbildung 8: Indirekter Rh - Vaterschaftsausschluss
zweier Zeugen nach Jungwirth (31).

- | | |
|--------------------------|-----------------------------|
| 1 = Kindsmutter | 6 = Zeuge II |
| 2 = Kind | 7 = Schwester des Zeugen II |
| 3 = Zeuge I | 8 = Vater des Zeugen II |
| 4 = Mutter des Zeugen I | 9 = Mutter des Zeugen II |
| 5 = Bruder des Zeugen II | |



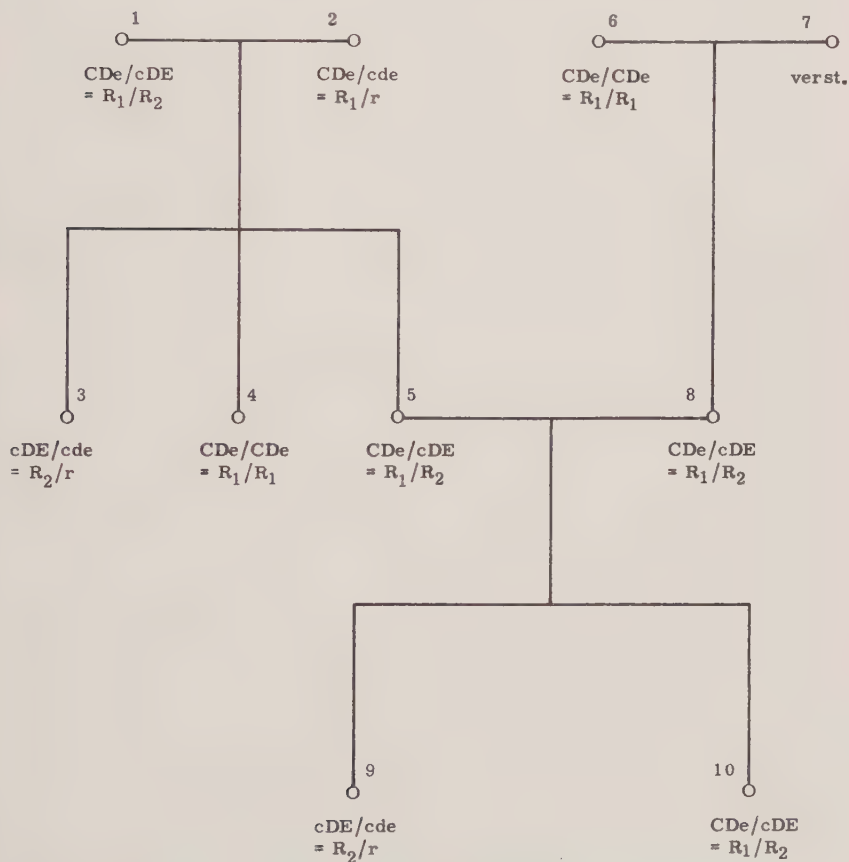
niemals aber $CDE/cde = R_2r$ besitzen. Somit ist auch er von der Vaterschaft auszuschliessen! Es wäre dies ein "indirekter Rh - Ausschluss", der durch den Nachweis des Fehlens des Genotyps $CDE/cde = R_2r$ mittels Eltern-, bzw. Familienuntersuchung ermöglicht wurde.

Ein weiteres, allerdings seltenes Beispiel eines indirekten Vaterschaftsausschlusses im Rh - System brachte LAUER (45). Dieser Fall (Abbildung 9) zeigt sehr schön, dass man auch bei einem fast aussichtslosen Fall (Kindsmutter und angeblicher Vater haben

Abbildung 9: Feststellung des Genotyps der Kinder durch Elternuntersuchung nach Lauer (45).

- 1 = Mutter der Kindsmutter
 2 = Vater der Kindsmutter
 3 = Bruder I der Kindsmutter
 4 = Bruder II der Kindsmutter
 5 = Kindsmutter

- 6 = Mutter des Ehemannes
 7 = Vater des Ehemannes
 8 = Ehemann
 9 = Kind I der Kindsmutter
 10 = Kind II der Kindsmutter



beide $CDe/cDE = R_1 R_2$) zu einem Erfolg kommen kann.

Die Fragestellung, ob nämlich der Ehemann mit der Kindsmutter das Kind I gezeugt haben könne oder nicht, ist direkt, d. h. aus den Phänotypen heraus zunächst nicht entscheidbar. Sowohl die Kindsmutter als auch der Ehemann könnten jeweils in ihrem Phänotyp $Cc/D/Ee$ neben dem Genotyp $CDe/cDE = R_1 R_2$ auch den selteneren Genotyp $CDE/cde = R_2 r$ besitzen, wodurch jeweils ein Vaterschaftsausschluss entfallen würde, der beim Vorliegen von $CDe/cDE = R_1 R_2$ bei Vater oder Mutter des Kindes I gegeben wäre. Die Untersuchung der Eltern der Kindsmutter brachte keinen Erfolg, da die Mutter der Kindsmutter den Phänotyp $CDe/cDE = R_1 R_2$ besitzt und somit ebenfalls den Genotyp $CDE/cde = R_2 r$ aufweisen könnte. - Von den Eltern des Ehemanns konnte nur noch die Mutter untersucht werden, da der Vater bereits verstorben war. Die Blutformel der Mutter wurde als $CDe/CDE = R_1 R_1$ ausgetestet, womit feststeht, dass ihr Sohn, der Ehemann und angebliche Erzeuger des Kindes I nicht die seltene Genkombination $CDE/cde = R_2 r$ aufweisen kann.

Für den Ehemann war dadurch zwar der Nachweis des Genotyps $CDe/cDE = R_1 R_2$ gelungen, nicht dagegen für die Kindsmutter. Dass aber auch diese $CDE/cde = R_2 r$ nicht besitzen kann, ergibt die Untersuchung ihrer Brüder. Der Bruder I ($cDE/cde = R_2 r$) muss das $r = cde$ von seinem Vater, und von seiner Mutter das $cDE = R_2$ erbt haben; infolgedessen kann diese nur dem Genotyp $CDe/cDE = R_1 R_2$ angehören; auch aus dem Blutmuster des Bruders II ($R_1 R_1 = CDe/CDE$) folgt dies, denn dieser muss von seinen beiden Elternteilen je ein $CDe = R_1$ ererbt haben.

Somit steht fest, dass die Mutter der Kindsmutter und die Kindsmutter selbst den Genotyp $CDe/cDE = R_1 R_2$ besitzen müssen. Deshalb kann auch das Kind II sehr wohl von der Kindsmutter und dem Ehemann stammen, niemals aber das Kind I; nur ein Mann mit dem Gen $r = cde$ kann der Erzeuger dieses Kindes sein.

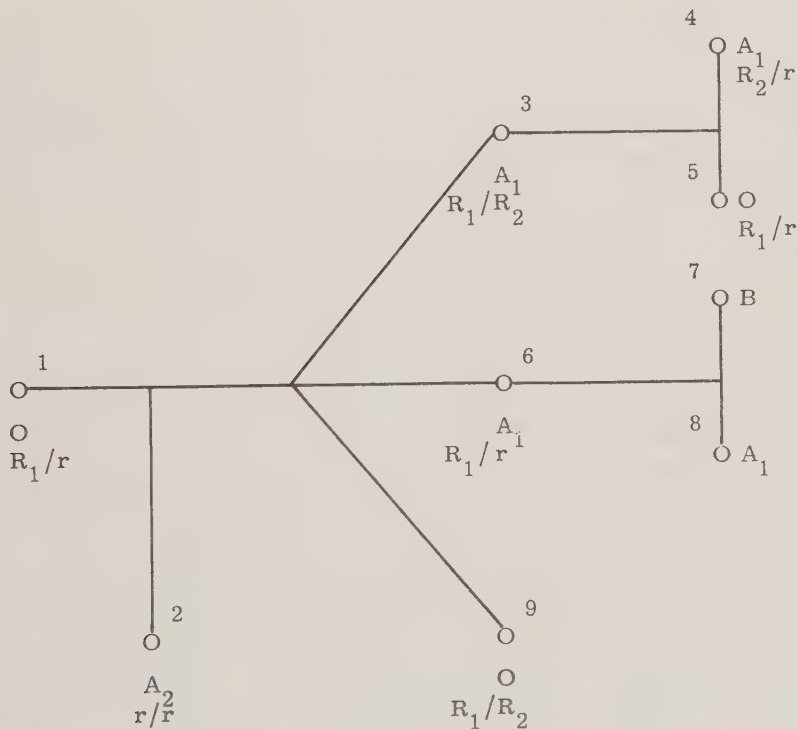
Ein weiteres, sehr schönes Beispiel aus dem ausgewerteten Untersuchungsgut möge die Verbindung von indirekten ABO - und Rh - Ausschlüssen aufzeigen (Abbildung 10).

Die Kindsmutter hatte die Blutformel: $O; R_1 r = CDe/cde$, das Kind selbst das Blutmuster: $A_2; rr = cde/cde$. Der Zeuge II ($O; R_1 R_2 = Cc/D/Ee$) war auf Grund seiner Gruppe "O" von der Vaterschaft direkt auszuschliessen, denn er konnte dem Kinde die vom Erzeuger stammende Gruppe "A₂" niemals vererbt haben. Ein indirekter Rh - Ausschluss wie bei dem Beklagten wurde bei ihm deswegen (trotz seiner Konstellation $CDe/cDE = R_1 R_2$, die relativ günstig ist) nicht mehr empfohlen.

Der Beklagte und der Zeuge I waren zunächst nicht direkt von der Vaterschaft auszuschliessen. Bei beiden wurde aber eine Untersu-

Abbildung 10: Durch Elternuntersuchung festgestellte indirekte Rh - und Rh - ABO - Ausschlüsse.

- | | |
|--------------------------|-------------------------|
| 1 = Kindsmutter | 6 = Zeuge I |
| 2 = Kind | 7 = Mutter des Zeugen I |
| 3 = Beklagter | 8 = Vater des Zeugen I |
| 4 = Mutter des Beklagten | 9 = Zeuge II |
| 5 = Vater des Beklagten | |



chung der Eltern auf das ABO - System, beim Beklagten auch auf das Rh - System dem Gericht empfohlen und auch durchgeführt. Da das Kind den Genotyp A_2O besitzen musste, waren beide Männer auszuschliessen, wenn es gelingen sollte, ihren Genotyp als A_1O oder A_1A_1 festzustellen; sollte es gelingen, den Beklagten genotypisch als $CDe/cDE = R_1R_2$ festzustellen, so wäre er auch im Rh - System auszuschliessen. Der Zeuge I muss von seinem Vater A_1 und von seiner Mutter (genotypisch BO !) O ererbt haben, ist also als Genotyp A_1O von der Vaterschaft auszuschliessen; der Beklagte hat von seiner Mutter A_1 , von seinem Vater O ererbt, ist also ebenfalls im ABO -

System ausschliessbar. Da seine Eltern aber kein $CDe = R_z$, statt dessen aber sehr wohl $CDe = R_1$, bzw. $cDe = R_2$ aufweisen, besitzt er den wahrscheinlichen Genotyp $CDe/cDe = R_1 R_2$ und ist somit auch im Rh - System ausschliessbar. - Wir haben hier also eine Dreimannsache, bei der ein direkter ABO - Ausschluss, ein indirekter ABO - Ausschluss und einmal ein indirekter ABO - und Rh - Ausschluss auftreten.

II.

Ebenso wie für das ABO - System hat HUMMEL (43) auch für das Rh - System die Chancen für die Ermittlung des Rh - Genotyps eines Probanden durch die Eltern- und Familienuntersuchung ermittelt. Er geht auch hier von der Ansicht aus, dass nicht nur allein die Ausschlusschance, als vielmehr die Feststellbarkeit des Genotyps überhaupt von Bedeutung ist, denn es können damit die immanenten Ausschlüsse bei Fällen von phänotypisch möglicher Vaterschaft ausgeschaltet werden, und gewisse Hinweiskonstellationen erzielt werden.

Die Tabelle 26 von HUMMEL (43) zeigt einmal die mit den zur Zeit verfügbaren Testseren serologisch direkt bestimmbaren Genotypen (oberer Teil) : Mit Ausnahme von Zeile 1: $cde/cde = rr$ haben alle diese Phänotypen nur sehr niedere Frequenzen und fallen daher bei der Vaterschaftsbestimmung kaum ins Gewicht.

Im unteren Teil der Tabelle 26 werden alle, serologisch nicht direkt bestimmbaren Genotypen aufgeführt, zusammengefasst in den jeweiligen Phänotypenblocks. Bei allen Genotypen sind die jeweils entsprechenden Frequenzen in der Bevölkerung mit aufgeführt.

Die unbekannten Genotypen können nun zwar - vor allem in Mehrmannsachen - mittels statistisch - mathematischer Überlegungen in die Beurteilung einbezogen werden. In diesem Falle kann aber nur ausgesagt werden, dass dieser Mann um soundsoviel mal wahrscheinlicher der Erzeuger des Kindes ist als jener; zur genauen Klärung der Abstammung (und damit zum Ausschluss) aber ist es notwendig, den Genotyp des Beklagten, manchmal auch des Zeugen oder der Kindsmutter durch die Familienuntersuchung festzustellen.

Ein Beispiel: Mutter: Cc, D, Ee ; Kind: cc, D, Ee ; Beklagter: cc, D, EE . Hier wäre der Genotyp der Kindsmutter zu bestimmen: Der Beklagte kann nämlich nicht der Vater des Kindes sein, wenn die Kindsmutter die Genformel $CDe/cDe = R_1 R_2$ besitzt, weil in diesem Falle das Gen "E" des Kindes von der Mutter stammen muss, und der Mann kein "e" besitzt.

Hummel (43) hat nun zunächst ganz allgemein und theoretisch die Chancen der Bestimmbarkeit verschiedener Rh - Genotypen der Gruppen 9 - 18 der Tabelle 26 durch Elternuntersuchung mittels der

Tabelle 26: Zusammenstellung der feststellbaren und nicht feststellbaren Genotypen im Rh - System, nach Hummel (43).

Phäno- typ	Genotyp:		Geno- typen- fre- quenz in %:	Genotypen durch Eltern- untersuchung		Frequenzen der feststellba- ren Geno- typen	Geno- typen- fre- quenzen in der Bevöl- kerung
	Race	Wiener		fest- leg- bar:	nicht fest- legbar		
Direkt feststellbare Genotypen: =====							
1.	cc/dd/ee	cde/cde	rr	16,2384	-	-	-
2.	CC/dd/ee	Cde/Cde	r ⁺ r ⁺	0,0096	-	-	-
3.	Cc/dd/ee	Cde/cde	r ⁺ r	0,7917	-	-	-
4.	cc/dd/EE	cdE/cdE	r ⁺ r ⁺	0,0033	-	-	-
5.	cc/dd/Ee	cdE/cde	r ⁺ r	0,4674	-	-	-
6.	CC/dd/EE	CdE/CdE	r _y r _y	0,0000	-	-	-
7.	CC/dd/Ee	CdE/Cde	r _y r _y	0,0000	-	-	-
8.	Cc/dd/EE	CdE/cdE	r _y r ⁺	0,0000	-	-	-
Direkt nicht feststellbare Genotypen: =====							
9 I.	Cc/dd/Ee	Cde/cdE	r ⁺ r ⁺	0,0113	-	-	-
II.		CdE/cde	r _y r	0,0000	-	-	-
10 I.	cc/D/ee	cDe/cde	R ₀ r	1,6843	39,61	60,39	100,00 %
II.		cDe/cDe	R ₀ R ₀	0,0436	-	-	3,20 %
11 I.	CC/D/ee	CDe/CDe	R ₁ R ₁	18,1987	18,16	81,82	90,42 %
II.		CDe/Cde	R ₁ r ⁺	0,8438	-	-	9,58 %
12 I.	Cc/D/ee	CDe/cde	R ₁ r	34,3796	38,68	61,32	100,00 %
II.		CDe/cDe	R ₁ R ₀	1,7269	-	-	6,19 %
III.		cDe/Cde	R ₀ r ⁺	0,0409	-	-	(0,15 %)
13 I.	cc/D/EE	cDE/cDE	R ₂ R ₂	1,7591	20,81	79,19	72,45 %
II.		cDE/cdE	R ₂ r ⁺	0,1549	-	-	27,55 %
14 I.	cc/D/Ee	cDE/cde	R ₂ r	10,6886	38,51	61,49	100,00 %
II.		cDE/cDe	R ₂ R ₀	0,5542	-	-	6,16 %
III.		cDe/cdE	R ₀ r ⁺	0,0244	-	-	(0,52 %)
15 I.	CC/D/EE	CDE/CDE	R ₂ R ₂	0,0001	-	-	-
II.		CdE/CDE	r _y R ₂	0,0000	-	-	-
16 I.	CC/D/Ee	CDE/CDE	R ₂ R ₁	0,1194	(32,40	67,60	97,60 %
II.		CDE/Cde	R ₂ r ⁺	0,0027	-	-	(2,40 %
III.		CdE/CDE	r _y R ₁	0,0000	-	-	(1,96 %)
17 I.	Cc/D/EE	CDE/cDE	R ₂ R ₂	0,0371	-	-	-
II.		CDE/cdE	R ₂ r ⁺	0,0016	-	-	-
III.		CdE/cDE	r _y R ₂	0,0000	-	-	-
18 I.	Cc/D/Ee	CDE/cDE	R ₁ R ₂	11,3257	18,90	81,10	81,76 %
II.		CDe/cdE	R ₁ r ⁺	0,4948	-	-	13,17 %
III.		cDE/Cde	R ₂ r ⁺	0,2598	-	-	2,46 %
IV.		CDE/cde	R ₂ r	0,1308	-	-	2,61 %
V.		CDE/cDe	R ₂ R ₀	0,0058	-	-	0,09 %
VI.		CdE/cDe	r _y R ₀	0,0000	-	-	-

Genfrequenzen festgestellt. Da in den Gruppen der Zeilen 9, 12 III, 14 III, 15, 17, sowie 18 V und VI die Frequenzen der einzelnen Genotypen unter 0,075 % liegen, blieben sie unberücksichtigt, ebenso die Gruppen der Zeile 16, die eine relativ niedrige Häufigkeit aufweist. Hummel fand nun, dass in den Gruppen der Zeilen 10 I, 12 I und 14 I die Chancen zur Bestimmung des Genotyps zwischen 38,5 und 39,6 % liegen, bei den Gruppen der Zeilen 11 I, 13 I und 18 I immerhin noch zwischen 18,1 und 20,8 %.

In unserem Untersuchungsgut von 1100 Fällen fanden wir 237 Fälle der Zeile 18 der Tabelle 26 (Näheres siehe später!), bei denen die Konstellationen für eine Familienuntersuchung gegeben waren. Davon kamen aber nur 49 Fälle zur Durchführung. Bei unserer Fragestellung geht es aber nur darum, das Vorliegen eines bestimmten Genotyps auszuschliessen, während die Feststellung des genauen Genotyps nicht notwendig ist. Daher können unsere Ergebnisse nicht mit den Zahlenwerten der Tabelle 26 in Beziehung gesetzt werden.

Ferner wurde das Untersuchungsgut von 1100 Fällen noch auf Konstellationen der Zeile 12 der Tabelle 26 untersucht. Es fanden sich hier drei Fälle, davon war bei einem eine Festlegung des Genotyps möglich. Es sind dies 33 % zu 38,6 % theoretische Möglichkeiten; dies besagt aber, auf Grund der wenigen untersuchten Konstellationen, nicht viel.

III.

Neben diesen, mehr theoretisch interessierenden Ergebnissen sind vor allem die praktischen Ergebnisse wichtig. Da die reinen Ausschlusschancen für die indirekten Rh - Untersuchungen nur sehr niedrig liegen, wurde hier auf einen Vergleich zwischen theoretischen Berechnungen und praktischen Ergebnissen verzichtet.

Das Untersuchungsgut umfasste 1100 Fälle der Jahre 1956 bis 1959 aus dem Institut für Gerichtliche und Versicherungs-Medizin der Universität München. Es wurde auf Konstellationen für indirekte Vaterschaftsausschlüsse der Gruppen der Zeilen 12 und 18 der Tabelle 26 untersucht.

Es fanden sich insgesamt 240 Konstellationen, also in 21,81 % aller Fälle. Davon entfielen auf die Gruppe der Zeile 12 drei Fälle = 0,27 %, der Rest, 237 Fälle oder 21,54 % auf die Gruppe der Zeile 18 der Tabelle 26.

Von den drei Fällen der Zeile 12 wurden zwar alle drei den Gerichten zur Durchführung empfohlen, es kam aber nur in einem Fall zur Durchführung der Untersuchung, wobei ein Ausschluss unmöglich war. Und zwar handelte es sich um folgende Konstellation:

Mutter/Kind/Mann: $R_1r / R_0r / rr = CDe/cde, cDe/cde, cde/cde.$

In diesem Falle wäre der Mann als Erzeuger auszuschliessen gewesen, wenn die Kindsmutter den im Phänotyp Cc/D/ee sehr häufig enthaltenen Genotyp $R_1r = CDe/cde$ (Genotypenfrequenz in der Bevölkerung: 34,3 %) besessen hätte. Es zeigte sich aber, dass die Mutter der Kindsmutter $R_{Or} = cDe/cde$ als Genotyp hatte, somit konnte die Kindsmutter selbst nicht als genotypisch $R_1r = CDe/cde$ festgelegt werden. In den beiden anderen Fällen ($R_1r / R_{Or} / R_1r = CDe/cde, cDe/cde, CDe/cde$ bzw. $rr / R_{Or} / R_1r = cde/cde, cDe/cde, CDe/cde$) wäre der Genotyp der Mutter, bzw. des Mannes als $R_1r = CDe/cde$ zu bestimmen gewesen; wie aber bereits dargelegt, wurde eine Untersuchung in keinem der beiden Fälle durchgeführt.

Das Hauptgewicht unserer Untersuchungen lag dagegen bei den Konstellationen der Zeile 18 der Tabelle 26.

Es handelt sich um den Phänotypenblock Cc/D/Ee, der neben mehreren anderen Genotypen $R_1R_2 = CDe/cDE$ und $R_2r = CDE/cde$ in den Frequenzen 11,32 bzw. 0,13 % der Bevölkerung aufweist. Der prozentuale Anteil der Typen $R_1R_2 = CDe/cDE$ und $R_2r = CDE/cde$ am Phänotypenblock beträgt 92,4 bzw. 1,06 % (die restlichen 6,54 % verteilen sich auf die weiteren, in diesem Phänotypenblock noch möglichen Genotypen). Es wurde nun so vorgegangen, dass zwei grosse Gruppen unterschieden wurden: Einmal alle Fälle, bei denen der Genotyp der Kindsmutter oder des als Erzeuger in Anspruch genommenen Mannes als $R_1R_2 = CDe/cDE$ mittels Elternuntersuchung festgelegt werden musste, um einen Ausschluss beweisen zu können, und zum andern alle die Fälle, in denen der Genotyp der Kindsmutter oder des Mannes als $R_2r = CDE/cde$ festzulegen war.

Hier und im folgenden wurde aus Gründen der leichteren Verständlichkeit diese Formulierung gewählt; tatsächlich musste im ersten Fall das Fehlen des Genotyps $R_2r = CDE/cde$, im letzteren das Nichtvorhandensein von $R_1R_2 = CDe/cDE$ in den jeweils gesuchten Genotypen nachgewiesen werden.

Wir unterscheiden also:

Gesucht: $R_1R_2 = CDe/cDE$ bei Mutter oder Mann, und
 gesucht: $R_2r = CDE/cde$ bei Mutter oder Mann.

Da nach Tabelle 26 die Frequenz des feststellbaren Genotyps für $R_1R_2 = CDe/cDE = 81,76$ %, für $R_2r = CDE/cde$ aber nur 2,61 % ist, waren die Erwartungen dahingehend, dass man sicher des öfteren mittels Nachweises des Genotyps $R_1R_2 = CDe/cDE$ einen Vaterschaftsausschluss führen könne, dass aber nur ganz extrem selten die Feststellung des Genotyps $R_2r = CDE/cde$ gelingen werde.

Tabelle 27 gibt eine Aufgliederung der 237 gefundenen Konstellationen (= 21,54 %) bei einer Gesamtzahl von 1100 Fällen. Es besagt, dass in etwa 20 % aller Vaterschaftssachen eine Möglichkeit für einen indirekten Ausschluss vorhanden ist; allerdings muss der grosse An-

Tabelle 27: Aufteilung aller 237 möglichen Konstellationen nach: $R_1R_2 = CDe/cDE$ und: $R_zr = CDE/cde$.

Gesuchter Genotyp	gesucht bei:		zusammen:	
	Kindsmutter:	Mann:	Fälle:	in %:
CDe/cDE $= R_1/R_2$	16	46	62	= 36,16 %
CDE/cde $= R_z/r$	54	121	175	= 74,84 %
Summe:	70	167	237	= 100,00 % = 21,54 % aller Fälle

Tabelle 28: Aufteilung der Konstellationen nach: "Zur Durchführung empfohlen" und "Nicht empfohlen".

Gesucht nach:	Gesucht bei:	empfohlen:		nicht empfohlen:	
		Fälle:	in %:	Fälle:	in %:
<u>I. R_1R_2</u>	<u>Mutter:</u> (16 Fälle)	14	87,5 %	2	12,5 %
	<u>Männer:</u> (46 Fälle)	43	93,5 %	3	6,5 %
<u>II. R_zr</u>	<u>Mutter:</u> (54 Fälle)	19	35,1 %	35	64,9 %
	<u>Männer:</u> (121 Fälle)	21	17,3 %	100	82,7 %
	Zusammen: (237 Fälle)	97	40,9 %	140	59,1 %

teil der R_zr - Fälle (= CDE/cde), die ja, rein theoretisch zunächst, eine extrem niedere Ausschlusschance besitzen, berücksichtigt werden; Es sind dies immerhin 175 Fälle = 74,84 % aller möglichen 237 Konstellationen. Die Zahl der R_1R_2 - Fälle (= CDe/cDE) entspricht dagegen mit 62 nur 26,16 % der möglichen Konstellationen, und nur 5,63 % aller 1100 Fälle überhaupt.

Diese 237 Fälle umfassten alle, im Untersuchungsgut aufgefundenen Möglichkeiten für eine Elternuntersuchung. In vielen Fällen wurde

Tabelle 29: Durchführung der empfohlenen 97 Fälle.

Gesucht nach:	Gesucht bei:	<u>durchgeführt</u>		<u>nicht durchgeführt</u>	
		Fälle:	in %:	Fälle:	in %:
<u>I. R_1R_2</u>	<u>Mutter:</u>	8	57,1 %	6	42,9 %
	(14 Fälle)				
	<u>Männer:</u>	19	44,2 %	24	55,8 %
	(43 Fälle)				
<u>II. R_{zr}</u>	<u>Mutter:</u>	13	68,4 %	6	31,6 %
	(19 Fälle)				
	<u>Männer:</u>	9	42,8 %	12	57,2 %
	(21 Fälle)				
	<u>zusammen:</u>	49	50,5 %	48	49,5 %
	(97 Fälle)				

nun den Gerichten eine derartige Zusatzuntersuchung vom Gutachter nicht empfohlen, entweder, weil der betreffende Mann schon durch einen direkten Ausschluss von der Vaterschaft ausgeschlossen werden konnte, oder aus sonstigen äusseren Gründen. Tabelle 28 gibt einen Überblick über die Zahl der den Gerichten vorgeschlagenen Zusatzuntersuchungen.

Es zeigt sich (Teil I der Tabelle 28), dass mit 57 Fällen fast alle R_1R_2 - Fälle den Gerichten empfohlen wurden (87,5 bzw. 93,5 % der jeweiligen Konstellationen), dass dagegen (Teil II der Tabelle 28) bei den R_{zr} - Konstellationen mit 40 Fällen der Anteil der den Gerichten empfohlenen Fälle wesentlich niedriger liegt (35,1 bzw. 17,3 %), was durchaus verständlich ist, da hier die Ausschlusschancen nur ein Bruchteil der Chancen der R_1R_2 - Fälle sind.

Insgesamt wurden den Gerichten 97 Fälle empfohlen, das ist mit 8,8 % aller 1100 Fälle nicht einmal die Hälfte aller möglichen Konstellationen (21,54 %).

Es wurden also 97 Fälle den Gerichten zur Untersuchung empfohlen, doch nur in 49 Fällen = 4,4 % aller 1100 Fälle wurde vom Gericht eine Untersuchung angeordnet (Tabelle 29). Es sind dies rund die Hälfte aller vorgeschlagenen Gutachtensfälle (= 50,5 %). - Das Verhältnis von durchgeführten zu nicht durchgeführten Gutachten ist sowohl bei den R_1R_2 - Fällen, als auch bei den R_{zr} - Fällen ungefähr gleich; das heisst, dass die Gerichte ohne Rücksicht auf die doch um ein Vielfaches geringeren Chancen bei der R_{zr} - Konstellation diese ebensooft durchführen liessen wie die wesentlich erfolgversprechenderen R_1R_2 - Fälle.

Tabelle 30: Ausschlusshäufigkeit bei 49 durchgeführten Konstellationen (die Prozentangaben beziehen sich auf die jeweils durchgeführten Fälle).

Gesucht nach	Gesucht bei:	Ausschlüsse:		Ausschlüsse unmöglich:	
		Fälle:	in %:	Fälle:	in %:
<u>I. R_1R_2</u>	Mutter: (8 Fälle)	5	62,5 %	3	37,5 %
	Männer: (19 Fälle)	15	78,9 %	4	21,1 %
	Teil I: (27 Fälle)	20	74,0 %	7	26,0 %
<u>II. R_zr</u>	Mutter: (13 Fälle)	0	-	13	100,0 %
	Männer: (9 Fälle)	0	-	9	100,0 %
	Teil I + II: (49 Fälle)	20	40,8 %	29	59,2 %

Es wurden also insgesamt 49 Elternuntersuchungen durchgeführt: Es fanden sich 20 indirekte Rh- Ausschlüsse = 40,8 % aller durchgeführten Fälle. (Siehe Tabelle 30).

Die einzelnen Ausschlüsse kamen folgendermassen zustande:

In fünf Fällen konnte der Genotyp der Kindsmutter als $R_1R_2 = CDe/cDe$ festgelegt, bzw. $R_zr = CDe/cde$ ausgeschlossen werden, und zwar:

In zwei Fällen hatte der eine Elternteil der Kindsmutter $R_1r = CDe/cde$, der andere $R_zr = cDe/cde$.

In zwei Fällen hatte ein Elternteil $R_1R_1 = CDe/CDe$.

In einem Fall hatte der Vater $R_1R_1 = CDe/CDe$, die Mutter $R_zr = cDe/cde$.

In allen diesen fünf Fällen musste die Kindsmutter die Genkomplexe $R_1 = CDe$, bzw. $R_z = cDe$ getrennt von ihren Eltern ererbt haben, und konnte ihrem Kinde auch nur wieder eines dieser Gene $R_1 = CDe$, bzw. $R_z = cDe$, und nicht $R_z = CDe$ vererbt haben. Dadurch konnten fünf Männer von der fraglichen Vaterschaft ausgeschlossen werden.

In fünfzehn Fällen konnte der Genotyp des als Erzeuger in Anspruch genommenen Mannes als höchstwahrscheinlich $R_1R_2 =$

CDe/cDE (und nicht: $R_z r = CDe/cde$) festgelegt werden, und dieser dadurch von der Vaterschaft ausgeschlossen werden. Und zwar:

In vier Fällen:	Vater:	$R_1 R_2 = CDe/c.E$
	Mutter:	$R_1 R_1 = CDe/C.e,$
in drei Fällen:	Mutter:	$R_2 r = cDE/c.e$
	Vater:	$R_1 r = CDe/c.e,$
in zwei Fällen:	Mutter:	$R_2 R_2 = cDE/c.E$
	Vater:	$R_1 R_2 = CDe/c.E,$
in zwei Fällen:	Mutter:	$R_2 R_2 = cDE/c.E$
	Vater:	$R_1 r = CDe/c.e,$
in zwei Fällen:	Mutter:	$R_2 r = cDE/c.e$
	Vater:	$R_1 R_1 = CDe/C.e,$
in einem Fall:	Mutter:	$R_1 r = CDe/c.e$
	Vater:	$r' r'' = Cde/cdE,$
in einem Fall:	Mutter:	$R_1 R_1 = CDe/C.e.$

In einem Fall fand sich neben dem indirekten Rh - Ausschluss auch noch ein indirekter ABO - Ausschluss! (siehe auch Abbildung 10).

Die neunundzwanzig Fälle, in denen es unmöglich war, den Genotyp jeweils festzustellen, gliedern sich:

Drei Fälle, bei denen bei der Kindsmutter $R_1 R_2 = CDe/c.E$ nicht nachweisbar war:

1. In zwei Fällen hatte die Mutter der Kindsmutter $R_1 R_2 = CDe/c.E$.
2. In einem Fall: Mutter: $R_2 r = cDE/c.e$, der Vater war verstorben.

Dreizehn Fälle, in denen bei der Kindsmutter $R_z r = CDE/cde$ nicht nachweisbar war:

1. In sechs Fällen: Mutter der Kindsmutter: $R_1 R_2 = CDe/c.E$.
2. In vier Fällen: Mutter der Kindsmutter: $R_1 R_1 = CDe/C.e.$
3. In drei Fällen: Mutter der Kindsmutter: $R_1 r = CDe/c.e$, Vater: $R_2 r = cDE/c.e$.

Vier Fälle, bei denen beim Mann $R_1 R_2 = CDe/c.E$ nicht nachweisbar war:

1. In einem Fall: Beide Elternteile verstorben.
2. In zwei Fällen: Vater: $R_1 R_2 = CDe/c.E$.
3. In einem Fall: Mutter $R_2 r = cDE/c.e$, der Vater war bereits verstorben.

Neun Fälle, in denen beim beklagten Manne $R_z r = CDE/cde$ nicht nachgewiesen werden konnte:

1. In einem Fall: Mutter: $R_1 r = CDe/c.e$, Vater: $R_2 r = cDE/c.e$.
2. In sechs Fällen: Mutter: $R_1 R_1 = CDe/C.e$.

3. In zwei Fällen waren die gesetzlichen Väter der jeweils beklagten Männer durch einen direkten Rh - Untergruppenausschluss von der Vaterschaft auszuschliessen.

IV.

Tabelle 30 zeigt sehr deutlich, bei welchen Konstellationen die Vaterschaftsausschlüsse auftreten; Nimmt man die Teile I und II der Tabelle 30 zusammen, so beträgt die Ausschlussquote 40,8 % aller durchgeführten Untersuchungen.

In der Konstellation $R_1 R_2 = CDe/c.E$ allein dagegen steigt die Quote sehr hoch an! Von 27 durchgeführten Untersuchungen führten hier 20 Fälle zum Erfolg! Dagegen konnte bei Teil II der Tabelle 30, Konstellation: "Gesucht nach $R_{Zr} = CDE/cde$ " kein einziger Ausschluss gefunden werden! - Diese 20 gefundenen Ausschlüsse sind zwar nur 1,81 % aller 1100 Fälle, betrachtet man aber die Zahl der 57 möglichen gesuchten Konstellationen $R_1 R_2 = CDe/cDE$ (237 Fälle minus 175 " R_{Zr} -Konstellationen" nach Tabelle 28!), so zeigt sich, dass in rund 35 % ein Erfolg zu erwarten ist.

Alle diese Untersuchungen zeigen sehr deutlich, dass, falls der Genotyp " $R_{Zr} = CDE/cde$ " zum Ausschluss führen soll, eine Zusatzuntersuchung kaum Aussicht auf Erfolg verspricht, dagegen sehr wohl in allen Fällen, in denen nach $R_1 R_2 = CDe/cDE$ gesucht wird.

V.

Im Laufe dieser Elternuntersuchungen fand sich noch ein sehr interessanter Nebebefund:

Es zeigte sich nämlich in drei Fällen, dass der untersuchte gesetzliche Vater des als Erzeuger in Anspruch genommenen Mannes nicht der Vater sein konnte, sondern dass durch einen direkten Ausschluss (in diesen drei Fällen jeweils mittels der Rh - Untergruppen) seine Nichtvaterschaft als erwiesen angesehen werden musste.

Im ersten Fall handelte es sich um den Nachweis der Nichtvaterschaft des beklagten Mannes mittels indirekten ABO - Ausschlusses bei folgender Konstellation: Kind/Mutter/Mann: $A_2 / A_1 / O$. Die Rh - Untergruppen ergaben folgendes Bild: $R_1 r / R_1 R_1 / rr = CDe/c.e, CDe/C.e, cde/cde$. - Zunächst wurde versucht, den ABO - Genotyp der Kindsmutter festzulegen, darum wurde deren Vater mituntersucht. Es fand sich folgende Blutformel: $O, R_2 r = cDE/c.e$. Da seine Tochter, die Kindsmutter, aber die Rh - Untergruppe $R_1 R_1 = CDe/C.e$ aufweist, kann ihr gesetzlicher Vater nicht ihr Er-

zeuger sein; damit war hier eine weitere Familienuntersuchung unmöglich gemacht.

Die beiden anderen Fälle waren Rh - Elternuntersuchungen: Und zwar besaßen die beiden Männer die Blutformel: $R_1 R_1 = CDe/C.e$, bzw. $R_1 R_2 = CDe/c.E$. Im ersten Fall fand sich bei dem Vater: $rr = cde/cde$, bei der Mutter: $R_1 R_2 = CDe/c.E$, im andern Fall ergab sich: Mutter $R_1 r = CDe/c.e$, Vater: $R_1 R_1 = CDe/C.e$. Auch hier waren die Väter als Erzeuger eindeutig auszuschliessen, und eine weitere Untersuchung ebenfalls unmöglich gemacht.

Von grossem Interesse ist die ethische Seite dieses Problems. JUNGWIRTH (46).

Beurteilt aus dem Gesichtswinkel der ärztlichen Schweigepflicht ist die Lage nach der bestehenden Rechtssprechung ziemlich eindeutig: Ein vom Gericht als Sachverständiger bestellter Arzt, der zum Zwecke der Gutachtenerstattung eine Person untersucht, steht mit dieser Person, angesichts des gerichtlichen Auftrags in keinem "Arzt-Patienten-Verhältnis", somit entfällt auch die ärztliche Schweigepflicht. Allerdings ist er zur Amtsverschwiegenheit verpflichtet, das heisst, er darf, ausser dem auftraggebenden Gericht, keinem Aussenstehenden über das Ergebnis seiner Untersuchungen berichten.

Da der Arzt aber ein Helfer und Heiler des Menschen sein soll, hat er auch eine menschliche Verpflichtung, dafür Sorge zu tragen, daß er nicht zum Verursacher von Leid und Schmerz wird. Dies ist sehr leicht der Fall, wenn durch seine Untersuchungen Tatsachen festgestellt werden, deren Bekanntwerden vielfach seit Jahrzehnten bestehende Ehe- und Familiengemeinschaften schwer belasten. Auf die Verschwiegenheit der bei Gericht beschäftigten Personen wird kaum Verlass sein.

Jungwirth schlägt deshalb vor, dem Gericht lediglich Mitteilung zu machen, dass die Untersuchung der Eltern des Probanden keine Klärung des Genotyps des Probanden ergeben habe. Diese Regelung kann keineswegs als Ideallösung betrachtet werden, da jederzeit damit gerechnet werden muss, dass das Gericht die Bekanntgabe des genauen Untersuchungsergebnisses beantragt. Jungwirth rät daher, gemeinsam eine befriedigende Lösung zu suchen, die dann nach Möglichkeit von den Gutachtern einheitlich angewandt werden könnte.

Indirekte A/B/O - und Rh - Ausschlüsse

Betrachtet man die indirekten ABO - und Rh- Ausschlüsse nicht getrennt, sondern nimmt die Zahl der durch beide Untersuchungen ausgeschlossen Männer vielmehr zusammen, so ergibt sich folgendes Bild (Tabelle 31):

Wie bereits beschrieben, fand sich bei einem Mann ein Doppelausschluss: Ein indirekter Rh - und ABO - Ausschluss. Es ergibt sich daraus, dass die Zahl der ausgeschlossenen Männer nicht identisch sein kann mit der Zahl der indirekten ABO - und Rh - Ausschlüsse ($6 + 20 = 26$ Fälle), sondern dass bei insgesamt 26 geführten Ausschlüssen nur 25 Männer ausschliessbar waren. Weiter zeigt sich, dass rund vier Fünftel aller indirekten Vaterschaftsausschlüsse Rh - Ausschlüsse sind, und nur ein Fünftel ABO - Ausschlüsse. Die Rh - Ausschlüsse finden wir überwiegend bei Einmannsachen, die ABO - Ausschlüsse mehr bei Zwei - und Mehrmannsachen.

Eine Zusammenfassung aller indirekten Vaterschaftsausschlüsse gibt Tabelle 32 wieder, seien es nun ABO - oder Rh - Ausschlüsse, letztere mit den Untergruppen: R_1R_2 , R_{Zr} und R_{1r} , bzw. CDe/cDe , CDe/cde , und CDe/cde (siehe auch Zeile 12 III, 18 I und IV der Tabelle 26). Es zeigt sich, dass wir insgesamt 266 Konstellationen vorfanden = 24 % aller Fälle, von denen 126 = 11 % aller Fälle den Gerichten empfohlen wurden, die aber nur 67 Fälle = 6 % durchführen liessen, wobei sich 26 Ausschlüsse = 2 % aller Fälle fanden (zu berücksichtigen ist, dass es sich hier um die Zahl der Ausschlüsse = 26, nicht um die Zahl der ausgeschlossenen Männer handelt).

Diese Zahl von 26 Gesamtausschlüssen entspricht 38,8 % aller durchgeführten Zusatzuntersuchungen, eine sehr gute Quote, die die Mühen einer Elternuntersuchung durchaus rechtfertigt. Die Tabelle 32 zeigt weiter, dass es hauptsächlich zwei Gruppen gibt, die für eine Elternuntersuchung in Frage kommen: Einmal die ABO - Ausschlüsse, zum andern vor allem die Rh - Konstellationen, bei denen, gleichgültig, ob bei Männern oder Kindsmutter, der Genotyp $R_1R_2 = CDe/cDe$ festgestellt werden muss, um eine Vaterschaft ausschliessen zu können. Dagegen scheint es von zweifelhaftem Wert, nach $R_{Zr} = CDe/cde$ als dem vaterschaftsausschliessenden Gen zu suchen, denn nur auf 65 R_1R_2 - Phänotypen (= CDe/cDe) kommt ein R_{Zr} - Genotyp (= CDe/cde). In diesen Fällen kann wegen der Seltenheit der Bestimmungsmöglichkeiten der Gutachter auf die Empfehlung einer Zusatzuntersuchung verzichten.

Tabelle 31: Zusammenfassung der indirekten ABO - und Rh - Ausschlüsse und ihre Aufgliederung in Mehrmannsachen.

Anzahl der Männer bei:	Indirekte Ausschlüsse bei:			Ausgeschlossene Männer:
	Rh-System	ABO-System	Rh- und ABO-System	
Einmannsachen: 10	10	-	-	10
Zweimannsachen: 14	4	3	-	7
Dreimannsachen: 15	3	1	1	5
Viermannsachen: 12	2	1	-	3
Gesamt: 51	19	5	1	25
Prozentualer Anteil:	76 %	+ 20 %	+ 4 %	= 100 %

Tabelle 32: Zusammenstellung aller indirekten Vaterschaftsausschlüsse.
Die Fälle des Rh - Systems sind nach den jeweils gesuchten (zum Ausschluss führenden) Genotypen gegliedert (siehe Zeile 12 III, 18 I und IV der Tab. 26).

	ABO-System		Rh - System				zusammen	
	Fälle	%	Fälle:			%	Fälle	%
		aller 1100 Fälle	("gesucht nach")			aller 1100 Fälle		aller 1100 Fälle
			R ₁ R ₂	R _z r	R ₁ r			
Mögliche Konstellationen:	26	2,3 %	62	175	3	21,8 %	266	24,1 %
Davon den Gerichten empfohlen:	26	2,3 %	57	40	3	9,0 %	126	11,4 %
Davon durchgeführt:	17	1,5 %	27	22	1	4,5 %	67	6,0 %
Davon Ausschlüsse:	6	0,5 %	20	0	0	1,8 %	26	2,3 %

Direkte und indirekte Vaterschaftsausschlüsse.

Betrachtet man nun die indirekten Vaterschaftsausschlüsse nicht isoliert, sondern zusammen mit den Werten für die direkten Ausschlüsse, ergibt sich folgendes Bild:

Tabelle 33: Direkte und indirekte Vaterschaftsausschlüsse, gegliedert nach Ein- und Mehrmannsachen.

Anzahl der Männer bei:	Ausgeschlossene Männer		zusammen:	
	Direkte Ausschlüsse:	Indirekte Ausschlüsse:	Fälle:	in %:
Einmannsachen: 602	155	10	165	27,4 %
Zweimannsachen: 722	270	7	277	39,6 %
Dreimannsachen: 283	135	5	140	49,1 %
Viermannsachen: 76	33	3	36	47,0 %
Fünfmannsachen: 35	22	-	22	60,0 %
Sechsmannsachen: 18	13	-	13	66,0 %
Achtmannsachen: 8	2	-	2	25,0 %
Zusammen: 1744	630	25	655	= 59,5 % aller Fälle

Tabelle 33 zeigt die Zahl der direkten und indirekten Ausschlüsse, und zwar in ihrer Aufteilung nach Mehrmannsachen und Mehrfachausschlüssen.

Tabelle 34 gibt die Summe der direkten und indirekten Ausschlüsse wieder: Die Zahl der Gesamtausschlüsse beträgt nunmehr 655 (630 direkte und 25 indirekte Ausschlüsse). Es sind dies 59,5 % aller Fälle oder 37,5 % aller Männer.

Tabelle 35 schliesslich zeigt die Aufteilung der Ausschlüsse, zusammengefasst nach den Systemen:

Tabelle 35: Direkte und indirekte Vaterschaftsausschlüsse, gegliedert nach den Systemen.

	ABO	A ₁ A ₂	MN	Rh	K	P	Fy	Mehr- fachaus- schlüsse	Indirek- te Aus- schlüsse	Ge- samt
Zahl der ausge- schlos- senen Männer:	66	33	111	211	25	5	3	176	25	655
In % aller 1100 Fälle:	6,0	3,0	10,1	19,1	2,2	0,4	0,2	16,0	2,2	59,5

Die Zahl der indirekten Ausschlüsse ist genau gleich der Zahl der einfachen Kell - Ausschlüsse (ohne Berücksichtigung der Kell - Mehrfachausschlüsse) und liegt nur geringfügig unter der Zahl der A₁A₂ - Untergruppенаusschlüsse. Diese beiden Systeme werden laufend für Vaterschaftsgutachten herangezogen; das Ergebnis der vorliegenden Untersuchungen rechtfertigt also durchaus die Durchführung der indirekten Genotypenbestimmung zur Vaterschaftsausschliessung, zumindest in den erfolgversprechenden Konstellationen.

Zusammenfassung

Nach einer einleitenden Besprechung der Entdeckung der Blutgruppen, sowie Erläuterung einiger genetischer Termini werden das ABO - und Rh - System kurz abgehandelt unter besonderer Berücksichtigung ihrer Genetik. Auch die weiteren Blutgruppensysteme werden in diesem Zusammenhang besprochen. Dann wird das Prinzip der direkten Vaterschaftsausschlüsse erläutert, und an einigen Fällen demonstriert. Die Anwendung der Dominanzregel und der gegensätzlichen Homocygotie zur Feststellung der Nichtvaterschaft wird theoretisch abgehandelt und mit den praktischen Ergebnissen der Auswertung von 1100 Fällen verglichen. Hierzu war die Berechnung der einzelnen Phänotyp-, Genotyp- und Genfrequenzen erforderlich.

Im folgenden Teil wird das Prinzip der indirekten Vaterschaftsausschlüsse abgehandelt. Zunächst wurde an Hand einiger Beispiele das Prinzip der Familienuntersuchung erläutert, und die von FISCHER angegebenen Möglichkeiten der Feststellung des Genotyps durch Elternuntersuchung mit den ausgewerteten Ergebnissen verglichen. Im ABO - System errechnet sich für die Familienuntersuchungen eine theoretische Chance von 1,2 %, welche einem praktischen Ausschlusswert von 0,54 % (bei 1100 Fällen 6 Ausschlüsse) entspricht. Da in weiteren 11 untersuchten Fällen ein Ausschluss unmöglich war, war also in rund einem Drittel aller untersuchten Fälle (6 zu 17) ein Erfolg zu erzielen. Wären nicht nur 17, sondern tatsächlich alle vorhandenen Konstellationen (26) untersucht worden, so wären erwartungsgemäss auch hier ein Drittel, etwa 9 Männer ausschliessbar gewesen. - Bei der Diskussion dieses Ergebnisses wird festgestellt, dass es hauptsächlich vier Kind/Mutter/Mann - Konstellationen sind ($A_2/O/A_1$, $A_2/A_1/O$, $A_2/A_1/A_1$ und $A_2B/B/A_1$), die eine Familienuntersuchung im ABO - System rechtfertigen, während die Chancen für die übrigen Konstellationen zu gering sind.

Anschliessend an einige erläuternde Beispiele werden nun die einzelnen Konstellationen der Elternuntersuchung im Rh - System auf ihre Ausschlusshäufigkeit untersucht, wobei sich im vorliegenden Material insgesamt 240 mögliche Konstellationen fanden.

Im Phänotypenblock Cc/D/ee, bei dem der Genotyp der Kindsmutter, bzw. des vermeintlichen Vaters durch Elternuntersuchung als $R_1 r = CDe/cde$ festzulegen war, um einen Ausschluss zu ermöglichen, wurde von 3 möglichen Fällen einer untersucht, der aber keine Klärung brachte.

Im Phänotypenblock Cc/D/Ee gab es zwei Möglichkeiten: Einmal die Fälle, bei denen durch Untersuchung der leiblichen Eltern festgestellt werden kann, dass der Proband sicher nicht den einzigen, seine Vaterschaft ermöglichenden Genotyp $R_{zr} = CDE/cde$ besitzt ("gesucht nach $R_1 R_2 = CDe/cDE$ "). Bei 27 Untersuchungen ergaben sich 20 Ausschlüsse.

Zum andern kamen noch jene Fälle in Frage, bei denen $R_1R_2 = CDe/cDe$ als einziger, die Vaterschaft ermöglichender Genotyp nicht ausgeschlossen werden konnte ("gesucht nach $R_{Zr} = CDe/cde$ "). Bei 22 untersuchten Fällen fand sich hier kein Ausschluss.

Von diesen drei untersuchten Konstellationen kommt die erste wegen der geringen Zahl der Fälle nicht in Betracht, die letzte erweist sich als aussichtslos (bei 27 Untersuchungen kein Ausschluss). Nur die Fälle, bei denen nach " R_1R_2 gesucht" wird, bzw. bei denen $R_{Zr} = CDe/cde$ als einziger, die Vaterschaft ermöglichender Genotyp ausgeschlossen werden kann, sind erfolversprechend und zur Durchführung zu empfehlen.

Bei 1100 Gesamtfällen fanden sich 20 Fälle (= 1,81 %) von indirekten Vaterschaftsausschlüssen. Da in weiteren 29 untersuchten (" R_1R_2 " - und " R_{Zr} " -) Fällen ein Ausschluss unmöglich war, konnte also in rund zwei Fünftel (= 40,8 %) aller untersuchten Fälle (20 zu 49) ein Erfolg erzielt werden. In dem Untersuchungsgut von 1100 Fällen fanden sich insgesamt 237 Konstellationen für einen indirekten Rh - Ausschluss: Wären diese 237 Konstellationen alle untersucht worden, so wären auch hier in rund zwei Fünftel aller Fälle, also bei etwa 97 Fällen ein Ausschluss zu erzielen gewesen. Diese Zahlenangaben sind allerdings nur mit Vorbehalt gültig: Denn nur die " R_1R_2 -Fälle" sind erfolversprechend, nicht dagegen die " R_{Zr} -Fälle", die einen Grossteil der 237 möglichen Konstellationen ausmachen. Es sind demnach bei den Erwartungswerten die R_{Zr} - Fälle abzuziehen: 20 Ausschlüsse stehen 7 ergebnislosen Untersuchungen gegenüber: Also in drei Viertel aller Fälle ein positives Ergebnis; bei insgesamt 62 vorhandenen R_1R_2 -Fällen wären also rund 47 Männer ausschliessbar! Als Nebebefund werden drei Fälle von Nichtvaterschaft des gesetzlichen Vaters der untersuchten Probanden mit den sich daraus ergebenden rechtlichen Problemen diskutiert.

Im weiteren Verlauf werden alle indirekten Ausschlüsse zusammengefasst (bei 1100 Fällen = 25 Ausschlüsse = 2,2 %), und den direkten Ausschlüssen (bei 1100 Fällen = 630 Ausschlüsse = 57,3 %) gegenübergestellt. Wären alle erfolversprechenden Konstellationen durchgeführt worden, so betrüge der Erwartungswert insgesamt 56 Männer (47 + 9), das wären 5,1 % aller 1100 Fälle.

Die Zahl der zum Erfolg führenden indirekten Rh - Vaterschaftsausschlüsse ist ebensogross wie die der einfachen Kell - Ausschlüsse (hierbei ist zu beachten, dass nur etwa die Hälfte der empfohlenen Untersuchungen auch tatsächlich zur Durchführung gelangten). Daraus kann gefolgert werden, dass die Familienuntersuchung sehr wohl am Platze ist, allerdings nur in bestimmten Konstellationen berechtigt und erfolversprechend.

Es sei mir an dieser Stelle erlaubt, meinem hochverehrten Lehrer, Herrn Professor Dr. med. Wolfgang LAVES, Direktor des Institutes für Gerichtliche und Versicherungs-Medizin der Universität München, für die bereitwillige Überlassung des Themas und für die Erlaubnis zur Auswertung des Untersuchungsmaterials meinen ergebensten Dank aussprechen zu dürfen.

Ferner bin ich Herrn Privatdozent Dr. med. J. JUNG-WIRTH für seine freundliche und liebenswürdige Unterstützung zu grossem Dank verpflichtet.

Literaturverzeichnis

1. Race, R.R. und Sanger, R.:
"Die Blutgruppen des Menschen", Thieme-Verlag Stuttgart: 1-6, (1958).
2. Landsteiner, K.:
"Über Agglutinationserscheinungen normalen menschlichen Blutes", Wien. klin. Wschr. 14, 1132-1134 (1901).
3. Friedenreich, V.:
"Eine bisher unbekannte Blutgruppeneigenschaft (A_3)", Zs. Immun.-Forsch., 89, 409-422 (1936).
4. Bhende, Y.M., Deshpande, C.K., Bhatia, H.M., Sanger, R., Race, R.R., Morgan, W.T.J. und Watkins, W.M.:
"A new blood group character related to the ABO system", Lancet, I, 903-904 (1952).
5. Watkins, W.M. and Morgan, W.T.J.:
"Some observations on the O and H characters of human blood and secretions", Vox Sanguinis: 5, 1-14 (1955).
6. Kenkonen, K.O.:
"Studies on hemagglutinins present in seeds of some representatives of the family of Leguminosae", Ann. Med. exp. Biolog. Fenn., 26, 66-72 (1948).
7. Bernstein, F.:
"Zusammenfassende Betrachtungen über die erblichen Blutstrukturen des Menschen", Zs. indukt. Abstamm. u. Vererb.-Lehre, 37, 237 (1925).
8. Race, R.R. und Sanger, R.:
"Die Blutgruppen des Menschen", Thieme-Verlag Stuttgart, 18 (1958).
9. Landsteiner, K. und Wiener, A.S.:
"An agglutinable factor in human blood recognized by immune sera for rhesus blood", Proc. Soc. exp. Biol. N.Y., 43, 223 (1940).
10. Wiener, A.S. und Landsteiner, K.:
"Heredity of variants of the Rh type", Proc. Soc. exp. Biol. N.Y., 53, 167-170 (1943).
11. Fisher, R.A.:
"An incomplete antibody in human serum", Nature, Lond., 153, 771-772 (1944).

12. Ponsold, A.: Lehrbuch der Gerichtlichen Medizin,
Thieme-Verlag Stuttgart, 376-377 (1950).
13. Race, R.R. und Sanger, R.:
"Die Blutgruppen des Menschen", Thieme-
Verlag Stuttgart, 113 (1958).
14. Stratton, F.: "A new Rh-allelomorph", Nature, Lond.
158, 25 (1946).
15. Callender, S.T. and Race, R.R.:
"A serological and genetical study of
multiple antibodies formed in response to
blood transfusion by a patient with lupus
erythematosus diffusus", Ann. Eugen.
Lond., 13, 102-117 (1946).
16. Stratton, F. und Renton, P.H.:
"Haemolytic disease of the newborn
caused by a new Rh antibody, anti-C^x",
Brit. med. J., I, 962-965 (1954).
17. Race, R.R. and Sanger, R.:
"The Rh antigen C^u", Heredity 5,
285-287 (1951).
18. Ponsold, A.: Lehrbuch der Gerichtlichen Medizin,
Thieme-Verlag Stuttgart, 379-382 (1950).
19. Welsch, H.: "Blutgruppenunverträglichkeit in der Ge-
burtshilfe", Ärztl. Praxis, 49, 1184-
1185 (1958).
20. Race, R.R. und Sanger, R.:
"Die Blutgruppen des Menschen", Thieme-
Verlag Stuttgart, 132 ff. (1958).
21. Lawler, S.D. and Bertinshaw, D.:
"A pedigree showing some rare Rh geno-
types", Ann. Eugen. Lond. 14, 285 (1949).
22. Landsteiner, K. and Levine, P.:
"Further observations on individual
differences of human blood", Proc. Soc.
exp. Biol. N. Y. 24, 941-942 (1927).
23. Landsteiner, K. and Levine, P.:
"On the inheritance of agglutinogens of
human blood demonstrable by immune
agglutinins", J. exp. Med., 48,
731-749 (1928).

24. Henningsen, K.: "Om Blodtypesystemet P. (M.D. Thesis Dansk Videnskabs Forlag A/S, Copenhagen 95 pp (1952).
25. Mourant, A.E.: "The Distribution of the Human Blood Groups", pp 438, Blackwell Scientific Publications, Oxford (1954).
26. Coombs, R.R.A., Mourant, A.E. and Race, R.R.: "In-vivo isosensitization of red cells in babies with haemolytic disease", Lancet, I, 264-266, (1946).
27. Mourant, A.E.: "A new human blood group antigen of frequent occurrence", Nature, Lond., 158, 237 (1946).
28. Cutbush, M. and Mollison, P.L.: "The Duffy blood group", Heredity 4, 383-389 (1950).
29. Allen, F.H., Diamond, L.K. und Niedziela, B.: "A new blood group antigen", Nature, Lond., 167, 482 (1951).
30. Ponsold, A.: Lehrbuch der Gerichtlichen Medizin, Thieme-Verlag Stuttgart, 371 ff. (1950).
31. Jungwirth, J.: "Über den Beweiswert der Bluteigenschaften P, K und Rh mit Untergruppen", Blut, II, 296-300 (1956).
32. Ponsold, A.: Lehrbuch der Gerichtlichen Medizin, Thieme-Verlag Stuttgart, 372 (1950).
33. Boyd, W.C.: "Chances of excluding paternity by the Rh blood groups", Amer. J. hum. Genet. 7, 229-235 (1955).
34. Hoppe, H.H.: "Die Häufigkeitsverteilung der Blutgruppensysteme ABO, MN, Rh, P und K in Hamburg", Blut, III, 1, 1-15 (1957).
35. Koller, S.: "Handbuch der Erbbiologie des Menschen" Bd. II, Verlag Julius Springer, Berlin, 1940, S. 249 ff. (1940).
36. Stevens, W.L.: "Estimation of blood group gene frequencies", Ann. Eugen. Lond. 8, 362-375 (1938). Zitiert bei Race und Sanger (1).

37. Fisher, R. A. : "Note on the calculations of the frequencies of rhesus allelomorphs", Ann. Eugen. Lond. 13, 223-224 (1947).
Zitiert bei Race und Sanger (1).
38. Chown, B., Peterson, R. F., Lewis, M. and Hall, A. : "One the ABO gene and Rh chromosome distribution in the White population of Manitoba", Canad. J. Res. E., 27, 214-225 (1949).
39. Race, R. R., Mourant, A. E., Lawler, S. D. and Sanger, R. : "The Rh chromosome frequencies in England", Blood 3, 689-695 (1948).
40. Race, R. R. und Sanger, R. : Die Blutgruppen des Menschen, Thieme-Verlag Stuttgart, 284 (1958).
41. Jungwirth, J. : "Über die Verwendung des Kell-Blutgruppensystems in Paternitätsprozessen", Blut I, 57-60 (1955).
42. Sanger, R. : "An association between the P and Jay systems of blood groups", Nature, Lond. 176, 1163-1164 (1955).
43. Hummel, K. : "Über die Feststellbarkeit des Rh-Genotyps und ABO-Genotyps durch Untersuchung der Eltern des Probanden", Zs. Hyg. Bd. 145, 488 (1959).
44. Fischer, W. : "Über indirekte Blutbestimmungen, die sich aus ihnen ergebenden Ausschlussmöglichkeiten und die jeweiligen Erfolgsaussichten", Dz. ges. gericht. Med. 37, 231-276 (1943).
45. Lauer, A. : "Seltener indirekter Vaterschaftsausschluß", Blut, IV, 3, 159 (1958).
46. Jungwirth, J. und Spann, W. : "Serologische und rechtliche Probleme der indirekten Vaterschaftsausschlüsse", Vortrag a. d. Tagung d. Gesellschaft f. Gerichtliche und Versicherungs-Med. Frankfurt/Main (1959).

LEBENS LAUF

Am 8. Juli 1934 wurde ich als viertes Kind des praktischen Arztes Dr. med. Hans Welsch und seiner Frau Maria, geborene Müller in Dachau geboren.

Vom September 1941 bis Juli 1946 besuchte ich die Volksschulen in Dachau und Breitbrunn am Ammersee. Meine höhere Schulbildung erhielt ich am Kolleg St. Blasien im Schwarzwald (1946 - 1952) und am Maximiliansgymnasium in München (1952 - 1954), wo ich im Juli 1954 das Abitur ablegte.

Im Herbst 1954 immatrikulierte ich mich an der Universität München für Medizin. Im Frühjahr 1957 bestand ich das Physikum, und legte im Frühjahr 1960 das medizinische Staatsexamen ab, nachdem ich alle 11 Semester in München studiert habe.

